

W8-

REC'D 14 JAN 2000

PCT/JP99/06412

日 本 国 特 許 庁

17.11.99

PATENT OFFICE
JAPANESE GOVERNMENT

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出 願 年 月 日
Date of Application:

1999年 5月19日

出 願 番 号
Application Number:

平成11年特許願第138169号

出 願 人
Applicant (s):

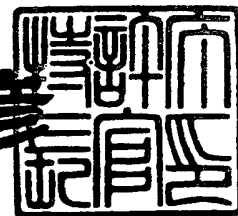
財団法人相模中央化学研究所
株式会社プロテジーン

PRIORITY
DOCUMENT
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

1999年12月24日

特 許 庁 長 官
Commissioner,
Patent Office

近 藤 隆 彦



出証番号 出証特平11-3089745

【書類名】 特許願

【整理番号】 S018199

【提出日】 平成11年 5月19日

【あて先】 特許庁長官殿

【発明者】

【住所又は居所】 神奈川県相模原市若松 3 - 4 6 - 5 0

【氏名】 加藤 誠志

【発明者】

【住所又は居所】 神奈川県川崎市多摩区西生田 4 - 1 - 2 8 - 3 0 2

【氏名】 木村 知子

【特許出願人】

【代表出願人】

【識別番号】 000173762

【住所又は居所】 神奈川県相模原市西大沼 4 丁目 4 番 1 号

【氏名又は名称】 財団法人相模中央化学研究所

【代表者】 寺島孜郎

【電話番号】 042(742)4791

【特許出願人】

【識別番号】 596134998

【住所又は居所】 東京都目黒区中町 2 丁目 2 0 番 3 号

【氏名又は名称】 株式会社プロテジーン

【代表者】 棚井 文雄

【電話番号】 03(3792)1019

【手数料の表示】

【予納台帳番号】 011501

【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

【物件名】	要約書	1
【プルーフの要否】	要	

【書類名】 明細書

【発明の名称】 疎水性ドメインを有するヒトプロテインならびにそれをコードするDNA

【特許請求の範囲】

【請求項1】 配列番号1から配列番号10で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質。

【請求項2】 請求項1記載の蛋白質のいずれかをコードするDNA。

【請求項3】 配列番号11から配列番号20で表される塩基配列のいずれかを含むcDNA。

【請求項4】 配列番号21から配列番号30で表される塩基配列のいずれかからなる、請求項3記載のcDNA。

【請求項5】 請求項2から請求項4のいずれかに記載のDNAをインビトロ翻訳あるいは真核細胞内で発現しうる発現ベクター。

【請求項6】 請求項2から請求項4のいずれかに記載のDNAを発現し、請求項1記載の蛋白質を生産しうる形質転換真核細胞。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は、疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしているDNA、このDNAの発現ベクター、およびこのDNAを発現させた真核細胞に関する。本発明の蛋白質は、医薬品として、あるいはこの蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。本発明のヒトcDNAは、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、このcDNAがコードしている蛋白質を大量生産するための遺伝子源として用いることができる。これらの遺伝子を導入して分泌蛋白質や膜蛋白質を大量発現させた細胞は、対応するレセプターやリガンドの検出、新しい低分子医薬のスクリーニングなどに利用できる。

【0002】

【従来の技術】

細胞は多くの蛋白質を細胞外に分泌している。これらの分泌蛋白質は、細胞の増殖制御、分化誘導、物質輸送、生体防御などにおいて重要な役割を果たしている。分泌蛋白質は細胞内蛋白質と異なり細胞外で作用するので、注射や点滴などによる体内投与が可能であり、医薬としての可能性を秘めている。事実、インターフェロン、インターロイキン、エリスロポイエチン、血栓溶解剤など、多くのヒト分泌蛋白質が現在医薬として使用されている。また、これら以外の分泌蛋白質についても臨床試験が進行中であり、医薬品を目指した用途開発がなされている。ヒト細胞は、まだ多くの未知の分泌蛋白質を生産していると考えられており、これらの分泌蛋白質並びにそれをコードしている遺伝子が入手できれば、これらを用いた新しい医薬品開発が期待できる。

【0003】

一方、膜蛋白質は、シグナルレセプター、イオンチャンネル、トランスポーターなどとして、細胞膜を介する物質輸送や情報伝達において重要な役割を担っている。例えば、各種サイトカインに対するレセプター、ナトリウムイオン・カリウムイオン・塩素イオン等に対するイオンチャンネル、糖・アミノ酸等に対するトランスポーターなどが知られており、その多くはすでに遺伝子もクローン化されている。これらの膜蛋白質の異常は、これまで原因不明であった多くの病気と関連していることがわかってきた。従って、新しい膜蛋白質が見い出せれば、多くの病気の原因解明につながるものと期待され、膜蛋白質をコードする新たな遺伝子の単離が望まれている。

【0004】

従来、これらの分泌蛋白質や膜蛋白質は、ヒト細胞から精製することが困難なので、遺伝子の方からのアプローチによって単離されたものが多い。一般的な方法は、cDNAライブラリーを真核細胞に導入して、cDNAを発現させたのち、目的とする活性を有する蛋白質を分泌発現あるいは膜表面上に発現している細胞をスクリーニングする、いわゆる発現クローニング法である。しかしこの方法では機能のわかった蛋白質の遺伝子しかクローン化できない。

【0005】

一般に分泌蛋白質や膜蛋白質は、蛋白質内部に少なくとも一個所疎水性ドメイ

ンを有しており、リボソームで合成された後、このドメインが分泌シグナルとして働いたり、リン脂質膜内に留まり膜にトラップされる。従って、完全長 cDNA の全塩基配列を決定してやり、その cDNA がコードしている蛋白質のアミノ酸配列の中に疎水性の高い領域が存在すれば、その cDNA は分泌蛋白質や膜蛋白質をコードしていると考えられる。

【0006】

【発明が解決しようとする課題】

本発明の目的は、疎水性ドメインを有する新規のヒト蛋白質、この蛋白質をコードする DNA、この DNA の発現ベクター、およびこの DNA を発現しうる形質転換真核細胞を提供することである。

【0007】

【課題を解決するための手段】

本発明者らは鋭意研究の結果、ヒト完全長 cDNA バンクの中から疎水性ドメインを有する蛋白質をコードする cDNA をクローン化し、本発明を完成した。すなわち、本発明は疎水性ドメインを有するヒト蛋白質である、配列番号 1 から配列番号 10 で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質を提供する。また本発明は上記蛋白質をコードする DNA、例えば配列番号 11 から配列番号 30 で表される塩基配列のいずれかを含む cDNA、並びにこの DNA をインビトロ翻訳あるいは真核細胞内で発現しうる発現ベクター、及びこの DNA を発現し上記蛋白質を生産しうる形質転換真核細胞を提供する。

【0008】

【発明の実施の形態】

本発明の蛋白質は、ヒトの臓器、細胞株などから単離する方法、本発明のアミノ酸配列に基づき化学合成によってペプチドを調製する方法、あるいは本発明の疎水性ドメインをコードする DNA を用いて組換え DNA 技術で生産する方法などにより取得することができるが、組換え DNA 技術で取得する方法が好ましく用いられる。例えば、本発明の cDNA を有するベクターからインビトロ転写によって RNA を調製し、これを鋳型としてインビトロ翻訳を行なうことによりインビトロで蛋白質を発現できる。また翻訳領域を公知の方法により適当な発現ベ

クターに組換えてやれば、大腸菌、枯草菌等の原核細胞や、酵母、昆虫細胞、哺乳動物細胞等の真核細胞で、コードしている蛋白質を大量に発現させることができる。

【0009】

本発明の蛋白質を、インビトロ翻訳でDNAを発現させて生産させる場合には、このcDNAの翻訳領域を、RNAポリメラーゼプロモーターを有するベクターに組換え、プロモーターに対応するRNAポリメラーゼを含む、ウサギ網状赤血球溶解物や小麦胚芽抽出物などのインビトロ翻訳系に添加してやれば、本発明の蛋白質をインビトロで生産することができる。RNAポリメラーゼプロモーターとしては、T7、T3、SP6などが例示できる。これらのRNAポリメラーゼプロモーターを含むベクターとしては、pKA1、pCDM8、pT3/T7 18、pT7/3 19、pBluescript IIなどが例示できる。また、反応系にイヌ脾臓ミクロソームなどを添加してやれば、本発明の蛋白質を分泌型あるいはミクロソーム膜に組み込まれた形で発現することができる。

【0010】

本発明の蛋白質を、大腸菌などの微生物でDNAを発現させて生産させる場合には、微生物中で複製可能なオリジン、プロモーター、リボソーム結合部位、cDNAクローニング部位、ターミネーター等を有する発現ベクターに、本発明のcDNAの翻訳領域を組換えた発現ベクターを作成し、この発現ベクターで宿主細胞を形質転換したのち、得られた形質転換体を培養してやれば、このcDNAがコードしている蛋白質を微生物内で大量生産することができる。この際、任意の翻訳領域の前後に開始コドンと停止コドンを付加して発現させてやれば、任意の領域を含む蛋白質断片を得ることができる。あるいは、他の蛋白質との融合蛋白質として発現させることもできる。この融合蛋白質を適当なプロテアーゼで切断することによってこのcDNAがコードする蛋白質部分のみを取得することもできる。大腸菌用発現ベクターとしては、pUC系、pBluescript II、pET発現システム、pGEX発現システムなどが例示できる。

【0011】

本発明の蛋白質を、真核細胞でDNAを発現させて生産させる場合には、この

cDNAの翻訳領域を、プロモーター、スプライシング領域、ポリ(A)付加部位等を有する真核細胞用発現ベクターに組換え、真核細胞内に導入してやれば、本発明の蛋白質を分泌生産あるいは膜蛋白質として細胞膜表面上で生産することができる。発現ベクターとしては、pKA1、pED6dpc2、pCDM8、pSVK3、pMSG、pSVL、pBK-CMV、pBK-RSV、EBVベクター、pRS、pYES2などが例示できる。真核細胞としては、サル腎臓細胞COS7、チャイニーズハムスター卵巣細胞CHOなどの哺乳動物培養細胞、出芽酵母、分裂酵母、カイク細胞、アフリカツメガエル卵細胞などが一般に用いられるが、本蛋白質を発現できるものであれば、いかなる真核細胞でもよい。発現ベクターを真核細胞に導入するには、電気穿孔法、リン酸カルシウム法、リポソーム法、DEAEデキストラン法など公知の方法を用いることができる。

【0012】

本発明の蛋白質を原核細胞や真核細胞で発現させたのち、培養物から目的蛋白質を単離精製するためには、公知の分離操作を組み合わせで行うことができる。例えば、尿素などの変性剤や界面活性剤による処理、超音波処理、酵素消化、塩析や溶媒沈殿法、透析、遠心分離、限外濾過、ゲル濾過、SDS-PAGE、等電点電気泳動、イオン交換クロマトグラフィー、疎水性クロマトグラフィー、アフィニティークロマトグラフィー、逆相クロマトグラフィーなどがあげられる。

【0013】

本発明の蛋白質には、配列番号1から配列番号10で表されるアミノ酸配列のいかなる部分アミノ酸配列を含むペプチド断片(5アミノ酸残基以上)も含まれる。これらのペプチド断片は抗体を作製するための抗原として用いることができる。また、本発明の蛋白質の中でシグナル配列を有するものは、シグナル配列が除去された後、成熟蛋白質の形で分泌される。したがって、これらの成熟蛋白質は本発明の蛋白質の範疇にはいる。成熟蛋白質のN末端アミノ酸配列は、シグナル配列切断部位決定法[特開平8-187100]を用いて容易に求めることができる。また、いくつかの膜蛋白質は、細胞表面でプロセッシングを受けて分泌型となる。このような分泌型となった蛋白質あるいはペプチドも本発明の蛋白質の範疇にはいる。アミノ酸配列の中に糖鎖結合部位が存在すると、適当な真核細胞

で発現させれば糖鎖が付加した蛋白質が得られる。したがって、このような糖鎖が付加した蛋白質あるいはペプチドも本発明の蛋白質の範疇にはいる。

【0014】

本発明のDNAには、上記蛋白質をコードするすべてのDNAが含まれる。このDNAは、化学合成による方法、cDNAクローニングによる方法などを用いて取得することができる。

【0015】

本発明のcDNAは、例えばヒト細胞由来cDNAライブラリーからクローン化することができる。cDNAはヒト細胞から抽出したポリ(A)⁺RNAを鋳型として合成する。ヒト細胞としては、人体から手術などによって摘出されたものでも培養細胞でも良い。cDNAは、岡山-Berg法[Okayama, H. and Berg, P., Mol. Cell. Biol. 2:161-170 (1982)]、Gubler-Hoffman法[Gubler, U. and Hoffman, J., Gene 25:263-269 (1983)]などいかなる方法を用いて合成してもよいが、完全長クローンを効率的に得るためには、実施例にあげたようなキャッピング法[Kato, S. et al., Gene 150:243-250 (1994)]を用いることが望ましい。また市販のヒトcDNAライブラリーを用いることもできる。cDNAライブラリーから本発明のcDNAをクローン化するには、本発明のcDNAの任意の部分の塩基配列に基づいてオリゴヌクレオチドを合成し、これをプローブとして用いて、公知の方法によりコロニーあるいはプラークハイブリダイゼーションによるスクリーニングを行えばよい。また、目的とするcDNA断片の両末端にハイブリダイズするオリゴヌクレオチドを合成し、これをプライマーとして用いて、ヒト細胞から単離したmRNAからRT-PCR法により、本発明のcDNA断片を調製することもできる。

【0016】

本発明のcDNAは、配列番号11から配列番号20で表される塩基配列あるいは配列番号21から配列番号30で表される塩基配列のいずれかを含むことを特徴とするものである。それぞれのクローン番号(HP番号)、cDNAクロー

ンが得られた細胞、cDNAの全塩基数、コードしている蛋白質のアミノ酸残基数をそれぞれ表1にまとめて示した。

【0017】

表1

配列番号	HP番号	細胞	塩基数	アミノ酸 残基数
1、11、21	HP03165	KB	3234	636
2、12、22	HP03266	HT-1080	2490	318
3、13、23	HP03287	胸腺	1465	82
4、14、24	HP10665	HT-1080	917	247
5、15、25	HP10669	WERI-RB	1306	206
6、16、26	HP10670	WERI-RB	2022	432
7、17、27	HP10671	胸腺	1227	306
8、18、28	HP10673	胸腺	2210	555
9、19、29	HP10675	胸腺	1493	250
10、20、30	HP10683	PMA-U937	1264	174

【0018】

なお、配列番号11から配列番号30のいずれかに記載のcDNAの塩基配列に基づいて合成したオリゴヌクレオチドプローブを用いて、本発明で用いたヒト細胞株やヒト組織から作製したcDNAライブラリーをスクリーニングすることにより、本発明のcDNAと同一のクローンを容易に得ることができる。

【0019】

一般にヒト遺伝子は個体差による多型が頻繁に認められる。従って配列番号11から配列番号30において、1又は複数個のヌクレオチドの付加、欠失および/又は他のヌクレオチドによる置換がなされているcDNAも本発明の範疇にはいる。

【0020】

同様に、これらの変更によって生じる、1又は複数個のアミノ酸の付加、欠失

および／又は他のアミノ酸による置換がなされている蛋白質も、配列番号1から配列番号10で表されるアミノ酸配列を有するそれぞれの蛋白質の活性を有する限り、本発明の範疇に入る。

【0021】

本発明のcDNAには、配列番号11から配列番号20で表される塩基配列あるいは配列番号21から配列番号30で表される塩基配列のいかなる部分塩基配列を含むcDNA断片(10bp以上)も含まれる。また、センス鎖およびアンチセンス鎖からなるDNA断片もこの範疇にはいる。これらのDNA断片は遺伝子診断用のプローブとして用いることができる。

【0022】

【実施例】

次に実施例により発明を具体的に説明するが、本発明はこれらの例に限定されるものではない。DNAの組換えに関する基本的な操作および酵素反応は、文献["Molecular Cloning. A Laboratory Manual", Cold Spring Harbor Laboratory, 1989]に従った。制限酵素および各種修飾酵素は特に記載の無い場合宝酒造社製のものを用了。各酵素反応の緩衝液組成、並びに反応条件は付属の説明書に従った。cDNA合成は文献[Kato, S. et al., Gene 150:243-250 (1994)]に従った。

【0023】

(1) 疎水性ドメインを有する蛋白質をコードしているcDNAの選別

cDNAライブラリーとして、フィブロサルコーマ細胞株HT-1080 cDNAライブラリー(WO98/11217)、骨肉腫細胞株Saos-2 cDNAライブラリー(WO97/33993)、類表皮癌細胞株KB cDNAライブラリー(WO98/11217)、手術によって摘出された肝臓組織cDNAライブラリー(WO98/21328)を用了。また、ホルボールエステルで刺激した組織球リンホーマ細胞株U937(ATCC CRL 1593) mRNA、ヒトレチノブラストーマ細胞株WERI-RB(ATCC HTB 169) mRNA、ヒト胸腺mRNA(Clontech社製)から作製したcDNA

ライブラリーを用いた。

個々のライブラリーから完全長 cDNA クローンを選択し、その全塩基配列決定を行い、完全長 cDNA クローンからなるホモ・プロテイン cDNA バンクを構築した。ホモ・プロテイン cDNA バンクに登録された完全長 cDNA クローンがコードしている蛋白質について、Kyte-Doolittle の方法 [Kyte, J & Doolittle, R. F., J. Mol. Biol. 157: 105-132 (1982)] により、疎水性／親水性プロフィールを求め、疎水性ドメインの有無を調べた。コードしている蛋白質のアミノ酸配列中に分泌シグナルや膜貫通ドメインと思われる疎水的な領域があるクローンを候補クローンとして選別した。

【0024】

(2) インビトロ翻訳による蛋白質合成

本発明の cDNA を有するプラスミドベクターを用いて、 T_N Tウサギ網状赤血球溶解物キット（プロメガ社製）によるインビトロ転写／翻訳を行なった。この際 [35 S] メチオニンを添加し、発現産物をラジオアイソトープでラベルした。いずれの反応もキットに付属のプロトコールに従って行なった。プラスミド 2 μ g を、 T_N Tウサギ網状赤血球溶解物 12.5 μ l、緩衝液（キットに付属）0.5 μ l、アミノ酸混合液（メチオニンを含まない）2 μ l、[35 S] メチオニン（アマーシャム社）2 μ l（0.37 MBq/ μ l）、T7 RNAポリメラーゼ 0.5 μ l、RNasin 20 U を含む総量 25 μ l の反応液中で 30℃ で 90 分間反応させた。また、膜系存在下の実験は、この反応系に、イヌ膵臓ミクロソーム画分（プロメガ）2.5 μ l を添加して行なった。反応液 3 μ l に SDS サンプリグバッファー（125 mM トリス塩酸緩衝液、pH 6.8、120 mM 2-メルカプトエタノール、2% SDS 溶液、0.025% ブロモフェノールブルー、20% グリセロール）2 μ l を加え、95℃ 3 分間加熱処理した後、SDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動にかけた。オートラジオグラフィーを行ない、翻訳産物の分子量を求めた。

【0025】

(3) COS7 による発現

本発明の蛋白質の発現ベクターを有する大腸菌を $100 \mu\text{g}/\text{ml}$ アンピシリン含有 2 x YT 培地 2 ml 中で 37°C 2 時間培養した後、ヘルパーファージ M13 KO7 ($50 \mu\text{l}$) を添加し、 37°C で一晩培養した。遠心によって分離した上澄からポリエチレングリコール沈殿によって一本鎖ファージ粒子を得た。これを $100 \mu\text{l}$ の 1 mM トリス-0.1 mM EDTA、pH 8 (TE) に懸濁した。

【0026】

サル腎臓由来培養細胞 COS 7 は、10% ウシ胎児血清を含むダルベッコ改変イーグル (DMEM) 培地中、5% CO_2 存在下、 37°C で培養した。 1×10^5 個の COS 7 細胞を 6 穴プレート (ヌンク社、穴の直径 3 cm) に植え、5% CO_2 存在下、 37°C で 22 時間培養した。培地除去後、リン酸緩衝液で細胞表面を洗浄し、さらに 50 mM トリス塩酸 (pH 7.5) を含む DMEM (TDMEM) で再度洗浄した。この細胞に一本鎖ファージ懸濁液 $1 \mu\text{l}$ 、DMEM 培地 0.6 ml 、TRANSFECTAMTM (IBF 社) $3 \mu\text{l}$ を懸濁したものを添加し、5% CO_2 存在下、 37°C で 3 時間培養した。サンプル液を除去後、TDMEM で細胞表面を洗浄し、10% ウシ胎児血清含有 DMEM を 1 穴あたり 2 ml 加え、5% CO_2 存在下、 37°C にて 2 日間培養した。培地を [^{35}S] システインあるいは [^{35}S] メチオニンを含む培地に交換した後、1 時間培養した。遠心分離によって、培地と細胞を分けたあと、培地画分と細胞膜画分の蛋白質を SDS-PAGE にかけた。

【0027】

(4) クローン例

<HP03165> (配列番号 1、11、21)

ヒト類表皮癌細胞株 KB cDNA ライブラリーから得られたクローン HP03165 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、 128 bp の 5' 非翻訳領域、 1911 bp の ORF、 1195 bp の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORF は 636 アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N 末端に推定分泌シグナルが存在した。図 1 に Kyte-Doolittle の方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳

の結果、ORFから予想される分子量72,033より小さい61kDaの翻訳産物が生成した。分泌シグナル配列切断部位予測法である(-3、-1)規則を適用すると、成熟蛋白質は33番目のセリンから始まると予想される。

【0028】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒトβガラクトシダーゼ(GenBank蛋白質ID番号AAA51822)と類似性を有していた。表2に、本発明のヒト蛋白質(HP)とヒトβガラクトシダーゼ(GL)のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域において、37.8%の相同性を有していた。

【0029】

表 2

HP	MTTWSLRRRPARTLGLLLLVLGFLVLRRLDWSTLVPLRLRHRQLGLQAKGWNFMLEDST
	.*. *. *.. * *. . *. *. ...
GL	MPGFLVRILPLLLVLLLLGPTRGLRNATQRMFEIDYSRDSFLKDGQP
HP	FWIFGGSIHVFRVPREYWRDRLLKMKACGLNTLTITYVPWNLHEPERGKFDGSGNLDLEAF
	*. ..***** **** *.***** ***.. *****.*** *....*. *.* *
GL	FRYISGSIHYSRVPRFYWKDRLLKMKMAGLNAIQTYVPWNFHEPWPGYQFSEDHDVEYF
HP	VLMAAEIGLWVILRPGPYICSEMDLGGPSWLLQDPGMRLRTTYKGFTEAVDLYFDHLM
	. *. *.* *****.* ..****.***.. .. **.. .. *** ... *..
GL	LRLAHELGLLVILRPGPYICAWEWGGLPAWLLEKESILLRSSDPDYLAADVKGVLGP
HP	RVVPLQYKRGGP IIAVQVENEYGSY-NKDPAYMPYVKKALEDR---GIVELLTSDNKG
	.. ** *.***.*.***** * *.***** * .. ** .. ** .. *
GL	KMKPLLYQNGGPVITVQVENEYGSYFACDFDYLAFLQKRFRHHLGDDVVLFTTDGAHKTF

HP LSKGIVQGVLATINLQSTHELQLLTFFLF--NVQGTQPKMVMMEYWTGWFDSWGGPHNILD

* * ** * * ** * * * * *

GL LKCGALQGLYTTVDFTGSNIT--DAFLSQRKCEPKGPLINSEFYTGWLDHWGQPHSTIK

HP SSEVLKTVSAIVDAGSSINLYMFHGGTNFGFMNGAMHFHDYKSDVTSYDYDAVLTEAGDY

```

... * ... . *. . *.*.***** *****.. ***      * .. ***** *.*****

```

GL TEAVASSLYDILARGASVNLVYFI GGTNFAYWNGA--NSPYAAQPTSYDYDAPLSEAGDL

HP TAKYMKLRDFFGSISGIPLPPPDLLPKMPYEPLTPVLYLSLWDALKYLGEPKSEKPIN

*. ** . ** * * * ** . * . * . . ** . * * . * .

GL TEKYFALRNI IQFEKVPEGPIPPSTPKFAYGKVTLEKLKTVGAALDILC-PSGPIK--S

HP MENLPVNGGNGQSFGYILYETSI----TSSGILSGH---VHDRGQVFVNTVSI GFLDYKT

. * . . * . * . * * * * * . * * * * . * * . . . * * . . .

GL LYPLTFIQVK-QHYGFVLYRTTLPQDCSNPAPLSSPLNGVHDRAYVAVDGIPQGVLE-RN

HP TKIAVPLI-QGYTVLRILVENRGRVNYGENIDDQRKGLIGNLYLNDSP LKNFRIYSL---

• * * .*****.*****. *.* ***. ** *... *... *..*

GL NVITL NITG KAGATL DLLVENMGRVNYGAYIND-FKGLVSNLTLSSN ILTDWTIFPLDTE

HP DMKKSFFQRFG-----LDKWSSLPETPTLPAFFLGSLSI----SSTPCDTFLKLEGWE

* * * * *

GL DAVRSHLGWGHRDSGHHDEAWAHNSSNYTLPAFYMGNFSIPSGIPDLPQDTFIQFPGWT

HP KGVVFINGQNLGRYW-NIGPQKTLYLPGP-WLSSGINQVIVFEETMAGPALQFTETPHLG

*** **.**** ***** . *** **.* * . .*. * .*.*

GL KGQVWINGFNLGRYPARGPQLTLFVPQHILMTSAPNTITVLELEWAPCSSDDPELCAVT

HP RNQYIK

GL FVDRPVI GSSVTYDHP SKPV EKRLMPPPPQKNKDSWLDHV

【0030】

また、本 cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したところ、EST の中に、90% 以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号 AA054017）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0031】

<HP03266>（配列番号 2、12、22）

ヒトフィブロサルコマ細胞株 HT-1080 cDNA ライブラリーから得られたクローン HP03266 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、69bp の 5' 非翻訳領域、957bp の ORF、1464bp の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORF は 318 アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N 末端に 1 個の推定膜貫通ドメインが存在した。図 2 に Kyte-Doolittle の方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORF から予想される分子量 35,363 とほぼ同じ 34 kDa の翻訳産物が生成した。

【0032】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、シロイナズナ推定リボトールデヒドロゲナーゼ（GenBank 蛋白質 ID 番号 AAC23625）と類似性を有していた。表 3 に、本発明のヒト蛋白質（HP）とシロイナズナ推定リボトールデヒドロゲナーゼ（AT）のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。N 末端を除く 483 残基の領域において、39.0% の相同性を有していた。

【0033】

表 3

HP MVELMFPLLLLLLPFLLYMAAPQIRKMLSSGVCTSTVQLPGKVVVVTGANTGIGKETAKE

* ** ** *

AT MGIYGVMTGKKGKSGFGSASTAEDVTQAIDASHLTAIITGGTSGIGLEAARV

HP LAQRGARVYLACRDVEKGELVAKEIQTTTGNQQVLVRKLDLSDTKSIRAFAGFLAEKHX

** ***. * . * * * . . . * . . . * . . . * . . . * . . . * . . . *

AT LAMRGAHVIAARNPKAANESKEMILQMNPNARVDYLQIDVSSIKSVRSFVDQFLALNVP

HP LHVLIINAGVMMCPYSKTADGFEMHIGVNHGHLHLLHLLLEKX-----ESAPSRIVNV

* * . . . * * * . . . * * *

AT LNLIINAGVMFCPKLTEDGIESQFATNHIGHFLLTNLLDKMKSTARESGVQGRIVNL

HP SSLAH---HLGRIHFHNLQGEKFYNAGLAYCHSKLANILFTQELARRLKGSG--VTYTSV

** ** . . * * . . ** * . . . * . . . * . . . * . . * . . *

AT SSIAHTYTYSEGIKFQGINDPAGYSERRAYGQSKLSNLLHSNALSRRRLQEEGVNITINSV

HP HPGTVQSELVRHSSFMRWWLFSF-FIKTPQQAQTSLHCALTEGLEILSGNHFSCHV

*** * . . * * . * * * * . . . * * * *

AT HPGLVTTNLFYSGFSMKVFRAMTFLFWKNIPQGAATTCYVALHPDLEGVTGKYFGDCNI

HP AWVSAQARNETIARRLWDVSCDLLGLPID

. * * * . . * * *

AT VAPSKFATNNSLADKLWDFSVFLIDSISK

【0034】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号D17020）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0035】

<HP03287>（配列番号3、13、23）

ヒト胸腺cDNAライブラリーから得られたクローンHP03287のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、83bpの5'非翻訳領域、249bpのORF、1133bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは82アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端とC末端にそれぞれ一個の推定膜貫通ドメインが存在した。図3にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、高分子量の翻訳産物が生成した。

【0036】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、分裂酵母仮想蛋白質9.0kDa（SWISS-PROTアクセシオン番号O13825）と類似性を有していた。表4に、本発明のヒト蛋白質（HP）と分裂酵母仮想蛋白質9.0kDa（SP）のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域において、45.7%の相同性を有していた。

【0037】

表4

HP	MAFTLYSLLQAALLCVNAIAVLHEERFLKNIGWGTDQGIGGFGE-EPGIKSQLMNLIRSV
** .**.*.* *.*** .***. ***. . .***....***..
SP	MFGFGNILYVTLLLLNAVAILSEDRFLGRIGWSQSAAL-GFGDRQDTIKSRILHLIRAI

HP RTVMRVPLIIVNSIAIVLLLLFG

**** *** .*.*** *.**

SP RTVMTFPLIAINTIVIVYNLVLG

【0038】

また、本 cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したところ、EST の中に、90% 以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号 AA853098）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0039】

<HP10665>（配列番号 4、14、24）

ヒトフィブロサルコーマ細胞株 HT-1080 cDNA ライブラリーから得られたクローン HP10665 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、31bp の 5' 非翻訳領域、744bp の ORF、142bp の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORF は 247 アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N 末端に推定分泌シグナルが存在した。図 4 に Kyte-Doolittle の方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORF から予想される分子量 25,320 よりやや大きい 28kDa の翻訳産物が生成した。この際、ミクロソームを添加すると、27kDa の産物が生成した。分泌シグナル配列切断部位予測法である（-3、-1）規則を適用すると、成熟蛋白質は 26 番目のアスパラギン酸から始まると予想される。

【0040】

また、本 cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したところ、EST の中に、90% 以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号 AA055367）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0041】

<HP10669> (配列番号5、15、25)

ヒトレチノブラストーマ細胞株WERI-RB cDNAライブラリーから得られたクローンHP10669のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、73bpの5' 非翻訳領域、621bpのORF、612bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは206アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図5にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロファイルを示す。

【0042】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号AF086533）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0043】

<HP10670> (配列番号6、16、26)

ヒトレチノブラストーマ細胞株WERI-RB cDNAライブラリーから得られたクローンHP10670のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、117bpの5' 非翻訳領域、1299bpのORF、606bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは432アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、7個の推定膜貫通ドメインが存在した。図6にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロファイルを示す。

【0044】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、線虫仮想蛋白質CELM03F8.2 (GenBank蛋白質ID番号AAB65910) と類似性を有していた。表5に、本発明のヒト蛋白質 (HP) と線虫仮想蛋白質CELM03F8.2 (CE) のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。N末端側376残基において、39.6%の相

同性を有していた。

【0045】

表 5

HP MDARWWAVVVLAAFP SLGAGGETPEAPPESWTQLWFFRFV VNAAGYASFMVPGYLLVQYF

. ** . . * . * . . ** . . * . * . *

CE MDRSIMPIDSPARDKPPD--ELVWPLRLFLILLGYSTVATPAAILIYYV

HP RRKNYLETGRGLCFPLVKACVFGNEPKASDEVPLA---PRTEAAETTPMW----QALKL

** * * * * *

CE RRNRHAFETPYLSIRLLLS-FAVGNEPYQLIPTGEKQARKENDSIPQTRAQCINVIILL

HP LFCATGLQVSYLTWGV LQERVMT RSY-GATATSPGERFTDSQFLVLMNRVLALIVA--GL

** . * . * . . . * * * * *

CE LFFFSGIQVTLVAMGV LQERI ITRGYRRSDQLEVEDKFGETQFLIFCNRIVALVLSLMIL

HP SCVLCKQPRHGAPMYRYSFASLSNV LSSWCQYEALKFVSFPTQVLAKASKVIPVMLMGKL

. * . * . * . * * * * *

CE AKDWTQPPHPPLYVHSYTSFSNTISSWCQYEALKYVSFPTQTICKASKVVVTMLMGR

HP VSRRSYEHWEYL TATLISIGVSMFLLSSGPEPRSSPAT--TSLGLILLAGYIAFDSFTSN

* * * * * * * *

CE VRGQRYSWFEYGCCTIAFGASLFLSSSSKGAGSTITYTSFSGMILMAGYLLFDAFTLN

HP WQDALFAYK--MSSVQMMFGVNFFSCLFTVGSLL EQGALLEGTRFMGRHSEFAAHALLS

** . * . * . * * * * * *

CE WQKALFDTKPKVSKYQMMFGVNFFSAILCAVSLIEQGTWSSIKFGAEHVDFSRDVFLLS

HP ICSACGQLFIFYTIGQFGAAVFTIIMTLRQAFAILLSCLLYGHTVTVVGGLGVAVVFAAL

...* **.**. **.**. **.***. ** *

CE LSGAIGQIFIYSTIERFGPIVFAVIMTIRQIFIRNTLIRAEDHRGVEMAPPPPPPEPFRLK

HP LLRVYARGRLKQRGKKA VPVESPQKV

CE FLSMIIAVIHI

【0046】

また、本 cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したところ、EST の中に、90% 以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号 Z46196）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0047】

<HP10671>（配列番号 7、17、27）

ヒト胸腺 cDNA ライブラリーから得られたクローン HP10671 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、74bp の 5' 非翻訳領域、921bp の ORF、232bp の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORF は 306 アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N 末端に推定分泌シグナル、中間部に 1 箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図 7 に Kyte-Doolittle の方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。

【0048】

また、本 cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したところ、EST の中に、90% 以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号 AA357141）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0049】

<HP10673> (配列番号8、18、28)

ヒト胸腺cDNAライブラリーから得られたクローンHP10673のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、203bpの5' 非翻訳領域、1668bpのORF、339bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは555アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図8にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量61,781よりやや大きい65kDaの翻訳産物が生成した。

【0050】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセッション番号R96413）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0051】

<HP10675> (配列番号9、19、29)

ヒト胸腺cDNAライブラリーから得られたクローンHP10675のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、92bpの5' 非翻訳領域、753bpのORF、648bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは250アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、少なくとも1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図9にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロファイルを示す。

【0052】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセッション番号AA356139）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0053】

<HP10683> (配列番号10、20、30)

ヒトリンホーマ細胞株U937 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10683のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、25bpの5' 非翻訳領域、525bpのORF、714bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは174アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図10にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量19,572よりやや大きい22kDaの翻訳産物が生成した。この際、マイクロソームを添加すると、糖鎖が付加したと考えられる24kDaの産物が生成した。なお、この蛋白質のアミノ酸配列の中には、N-グリコシレーションが起こる可能性がある部位が1箇所(27番目Asn-Ile-Thr)存在する。

【0054】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの(例えば、アクセション番号AA482321)が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0055】

【発明の効果】

本発明は疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしているDNA、このDNAの発現ベクター、およびこのDNAを発現させた真核細胞を提供する。本発明の蛋白質は、いずれも分泌されるかあるいは細胞膜に存在するので、細胞の増殖や分化を制御している蛋白質と考えられる。したがって、本発明の蛋白質は、細胞の増殖や分化の制御に関わる制癌剤などの医薬品として、あるいはこの蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。本発明のDNAは、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、このDNAを用いることにより、この蛋白質を大量に発現することができる。これら遺伝子を導入してこの蛋白質を発現させた細胞は、対応するレセプターやリガンドの検出、新しい低分子医薬のスクリーニングなどに利用できる。

【0056】

【配列表】

<110> Sagami Chemical Research Center,

Protegene Inc.

<120> Human proteins having hydrophobic domains and DNAs encoding these proteins

<130> S018199

<160> 30

【0057】

<210> 1

<211> 636

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 1

Met Thr Thr Trp Ser Leu Arg Arg Arg Pro Ala Arg Thr Leu Gly Leu

1 5 10 15

Leu Leu Leu Val Val Leu Gly Phe Leu Val Leu Arg Arg Leu Asp Trp

20 25 30

Ser Thr Leu Val Pro Leu Arg Leu Arg His Arg Gln Leu Gly Leu Gln

35 40 45

Ala Lys Gly Trp Asn Phe Met Leu Glu Asp Ser Thr Phe Trp Ile Phe

50 55 60

Gly Gly Ser Ile His Tyr Phe Arg Val Pro Arg Glu Tyr Trp Arg Asp

65 70 75 80

Arg Leu Leu Lys Met Lys Ala Cys Gly Leu Asn Thr Leu Thr Thr Tyr

85 90 95

Val Pro Trp Asn Leu His Glu Pro Glu Arg Gly Lys Phe Asp Phe Ser

100 105 110

Gly Asn Leu Asp Leu Glu Ala Phe Val Leu Met Ala Ala Glu Ile Gly			
115	120	125	
Leu Trp Val Ile Leu Arg Pro Gly Pro Tyr Ile Cys Ser Glu Met Asp			
130	135	140	
Leu Gly Gly Leu Pro Ser Trp Leu Leu Gln Asp Pro Gly Met Arg Leu			
145	150	155	160
Arg Thr Thr Tyr Lys Gly Phe Thr Glu Ala Val Asp Leu Tyr Phe Asp			
165	170	175	
His Leu Met Ser Arg Val Val Pro Leu Gln Tyr Lys Arg Gly Gly Pro			
180	185	190	
Ile Ile Ala Val Gln Val Glu Asn Glu Tyr Gly Ser Tyr Asn Lys Asp			
195	200	205	
Pro Ala Tyr Met Pro Tyr Val Lys Lys Ala Leu Glu Asp Arg Gly Ile			
210	215	220	
Val Glu Leu Leu Leu Thr Ser Asp Asn Lys Asp Gly Leu Ser Lys Gly			
225	230	235	240
Ile Val Gln Gly Val Leu Ala Thr Ile Asn Leu Gln Ser Thr His Glu			
245	250	255	
Leu Gln Leu Leu Thr Thr Phe Leu Phe Asn Val Gln Gly Thr Gln Pro			
260	265	270	
Lys Met Val Met Glu Tyr Trp Thr Gly Trp Phe Asp Ser Trp Gly Gly			
275	280	285	
Pro His Asn Ile Leu Asp Ser Ser Glu Val Leu Lys Thr Val Ser Ala			
290	295	300	
Ile Val Asp Ala Gly Ser Ser Ile Asn Leu Tyr Met Phe His Gly Gly			
305	310	315	320
Thr Asn Phe Gly Phe Met Asn Gly Ala Met His Phe His Asp Tyr Lys			
325	330	335	
Ser Asp Val Thr Ser Tyr Asp Tyr Asp Ala Val Leu Thr Glu Ala Gly			

340	345	350
Asp Tyr Thr Ala Lys Tyr Met Lys Leu Arg Asp Phe Phe Gly Ser Ile		
355	360	365
Ser Gly Ile Pro Leu Pro Pro Pro Pro Asp Leu Leu Pro Lys Met Pro		
370	375	380
Tyr Glu Pro Leu Thr Pro Val Leu Tyr Leu Ser Leu Trp Asp Ala Leu		
385	390	395
Lys Tyr Leu Gly Glu Pro Ile Lys Ser Glu Lys Pro Ile Asn Met Glu		
405	410	415
Asn Leu Pro Val Asn Gly Gly Asn Gly Gln Ser Phe Gly Tyr Ile Leu		
420	425	430
Tyr Glu Thr Ser Ile Thr Ser Ser Gly Ile Leu Ser Gly His Val His		
435	440	445
Asp Arg Gly Gln Val Phe Val Asn Thr Val Ser Ile Gly Phe Leu Asp		
450	455	460
Tyr Lys Thr Thr Lys Ile Ala Val Pro Leu Ile Gln Gly Tyr Thr Val		
465	470	475
Leu Arg Ile Leu Val Glu Asn Arg Gly Arg Val Asn Tyr Gly Glu Asn		
485	490	495
Ile Asp Asp Gln Arg Lys Gly Leu Ile Gly Asn Leu Tyr Leu Asn Asp		
500	505	510
Ser Pro Leu Lys Asn Phe Arg Ile Tyr Ser Leu Asp Met Lys Lys Ser		
515	520	525
Phe Phe Gln Arg Phe Gly Leu Asp Lys Trp Ser Ser Leu Pro Glu Thr		
530	535	540
Pro Thr Leu Pro Ala Phe Phe Leu Gly Ser Leu Ser Ile Ser Ser Thr		
545	550	555
Pro Cys Asp Thr Phe Leu Lys Leu Glu Gly Trp Glu Lys Gly Val Val		
565	570	575

Phe Ile Asn Gly Gln Asn Leu Gly Arg Tyr Trp Asn Ile Gly Pro Gln

580

585

590

Lys Thr Leu Tyr Leu Pro Gly Pro Trp Leu Ser Ser Gly Ile Asn Gln

595

600

605

Val Ile Val Phe Glu Glu Thr Met Ala Gly Pro Ala Leu Gln Phe Thr

610

615

620

Glu Thr Pro His Leu Gly Arg Asn Gln Tyr Ile Lys

625

630

635

【0058】

<210> 2

<211> 318

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 2

Met Val Glu Leu Met Phe Pro Leu Leu Leu Leu Leu Pro Phe Leu

1

5

10

15

Leu Tyr Met Ala Ala Pro Gln Ile Arg Lys Met Leu Ser Ser Gly Val

20

25

30

Cys Thr Ser Thr Val Gln Leu Pro Gly Lys Val Val Val Val Thr Gly

35

40

45

Ala Asn Thr Gly Ile Gly Lys Glu Thr Ala Lys Glu Leu Ala Gln Arg

50

55

60

Gly Ala Arg Val Tyr Leu Ala Cys Arg Asp Val Glu Lys Gly Glu Leu

65

70

75

80

Val Ala Lys Glu Ile Gln Thr Thr Thr Gly Asn Gln Gln Val Leu Val

85

90

95

Arg Lys Leu Asp Leu Ser Asp Thr Lys Ser Ile Arg Ala Phe Ala Lys

100

105

110

Gly Phe Leu Ala Glu Glu Lys His Leu His Val Leu Ile Asn Asn Ala

115

120

125

Gly Val Met Met Cys Pro Tyr Ser Lys Thr Ala Asp Gly Phe Glu Met

130

135

140

His Ile Gly Val Asn His Leu Gly His Phe Leu Leu Thr His Leu Leu

145

150

155

160

Leu Glu Lys Leu Lys Glu Ser Ala Pro Ser Arg Ile Val Asn Val Ser

165

170

175

Ser Leu Ala His His Leu Gly Arg Ile His Phe His Asn Leu Gln Gly

180

185

190

Glu Lys Phe Tyr Asn Ala Gly Leu Ala Tyr Cys His Ser Lys Leu Ala

195

200

205

Asn Ile Leu Phe Thr Gln Glu Leu Ala Arg Arg Leu Lys Gly Ser Gly

210

215

220

Val Thr Thr Tyr Ser Val His Pro Gly Thr Val Gln Ser Glu Leu Val

225

230

235

240

Arg His Ser Ser Phe Met Arg Trp Met Trp Trp Leu Phe Ser Phe Phe

245

250

255

Ile Lys Thr Pro Gln Gln Gly Ala Gln Thr Ser Leu His Cys Ala Leu

260

265

270

Thr Glu Gly Leu Glu Ile Leu Ser Gly Asn His Phe Ser Asp Cys His

275

280

285

Val Ala Trp Val Ser Ala Gln Ala Arg Asn Glu Thr Ile Ala Arg Arg

290

295

300

Leu Trp Asp Val Ser Cys Asp Leu Leu Gly Leu Pro Ile Asp

305

310

315

[0059]

<210> 3

<211> 82

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 3

Met Ala Phe Thr Leu Tyr Ser Leu Leu Gln Ala Ala Leu Leu Cys Val
 1 5 10 15
 Asn Ala Ile Ala Val Leu His Glu Glu Arg Phe Leu Lys Asn Ile Gly
 20 25 30
 Trp Gly Thr Asp Gln Gly Ile Gly Gly Phe Gly Glu Glu Pro Gly Ile
 35 40 45
 Lys Ser Gln Leu Met Asn Leu Ile Arg Ser Val Arg Thr Val Met Arg
 50 55 60
 Val Pro Leu Ile Ile Val Asn Ser Ile Ala Ile Val Leu Leu Leu Leu
 65 70 75 80
 Phe Gly

[0060]

<210> 4

<211> 247

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 4

Met His Leu Ala Arg Leu Val Gly Ser Cys Ser Leu Leu Leu Leu Leu
 1 5 10 15
 Gly Ala Leu Ser Gly Trp Ala Ala Ser Asp Asp Pro Ile Glu Lys Val
 20 25 30
 Ile Glu Gly Ile Asn Arg Gly Leu Ser Asn Ala Glu Arg Glu Val Gly
 35 40 45

Lys Ala Leu Asp Gly Ile Asn Ser Gly Ile Thr His Ala Gly Arg Glu
 50 55 60
 Val Glu Lys Val Phe Asn Gly Leu Ser Asn Met Gly Ser His Thr Gly
 65 70 75 80
 Lys Glu Leu Asp Lys Gly Val Gln Gly Leu Asn His Gly Met Asp Lys
 85 90 95
 Val Ala His Glu Ile Asn His Gly Ile Gly Gln Ala Gly Lys Glu Ala
 100 105 110
 Glu Lys Leu Gly His Gly Val Asn Asn Ala Ala Gly Gln Ala Gly Lys
 115 120 125
 Glu Ala Asp Lys Ala Val Gln Gly Phe His Thr Gly Val His Gln Ala
 130 135 140
 Gly Lys Glu Ala Glu Lys Leu Gly Gln Gly Val Asn His Ala Ala Asp
 145 150 155 160
 Gln Ala Gly Lys Glu Val Glu Lys Leu Gly Gln Gly Ala His His Ala
 165 170 175
 Ala Gly Gln Ala Gly Lys Glu Leu Gln Asn Ala His Asn Gly Val Asn
 180 185 190
 Gln Ala Ser Lys Glu Ala Asn Gln Leu Leu Asn Gly Asn His Gln Ser
 195 200 205
 Gly Ser Ser Ser His Gln Gly Gly Ala Thr Thr Thr Pro Leu Ala Ser
 210 215 220
 Gly Ala Ser Val Asn Thr Pro Phe Ile Asn Leu Pro Ala Leu Trp Arg
 225 230 235 240
 Ser Val Ala Asn Ile Met Pro
 245

[0061]

<210> 5

<211> 206

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 5

Met	Ala	Pro	Ser	His	Leu	Ser	Val	Arg	Glu	Met	Arg	Glu	Asp	Glu	Lys
1					5				10					15	
Pro	Leu	Val	Leu	Glu	Met	Leu	Lys	Ala	Gly	Val	Lys	Asp	Thr	Glu	Asn
				20					25					30	
Arg	Val	Ala	Leu	His	Ala	Leu	Thr	Arg	Pro	Pro	Ala	Leu	Leu	Leu	Leu
			35					40						45	
Ala	Ala	Ala	Ser	Ser	Gly	Leu	Arg	Phe	Val	Leu	Ala	Ser	Phe	Ala	Leu
		50				55					60				
Ala	Leu	Leu	Leu	Pro	Val	Phe	Leu	Ala	Val	Ala	Ala	Val	Lys	Leu	Gly
65					70					75				80	
Leu	Arg	Ala	Arg	Trp	Gly	Ser	Leu	Pro	Pro	Pro	Gly	Gly	Leu	Gly	Gly
					85					90				95	
Pro	Trp	Val	Ala	Val	Arg	Gly	Ser	Gly	Asp	Val	Cys	Gly	Val	Leu	Ala
			100					105						110	
Leu	Ala	Pro	Gly	Thr	Asn	Ala	Gly	Asp	Gly	Ala	Arg	Val	Thr	Arg	Leu
			115					120						125	
Ser	Val	Ser	Arg	Trp	His	Arg	Arg	Arg	Gly	Val	Gly	Arg	Arg	Leu	Leu
			130					135						140	
Ala	Phe	Ala	Glu	Ala	Arg	Ala	Arg	Ala	Trp	Ala	Gly	Gly	Met	Gly	Glu
145					150					155				160	
Pro	Arg	Ala	Arg	Leu	Val	Val	Pro	Val	Ala	Val	Ala	Ala	Trp	Gly	Val
					165					170				175	
Gly	Gly	Met	Leu	Glu	Gly	Cys	Gly	Tyr	Gln	Ala	Glu	Gly	Gly	Trp	Gly
			180							185				190	
Cys	Leu	Gly	Tyr	Thr	Leu	Val	Arg	Glu	Phe	Ser	Lys	Asp	Leu		

195

200

205

【0062】

<210> 6

<211> 432

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 6

Met Asp Ala Arg Trp Trp Ala Val Val Val Leu Ala Ala Phe Pro Ser

1 5 10 15

Leu Gly Ala Gly Gly Glu Thr Pro Glu Ala Pro Pro Glu Ser Trp Thr

20 25 30

Gln Leu Trp Phe Phe Arg Phe Val Val Asn Ala Ala Gly Tyr Ala Ser

35 40 45

Phe Met Val Pro Gly Tyr Leu Leu Val Gln Tyr Phe Arg Arg Lys Asn

50 55 60

Tyr Leu Glu Thr Gly Arg Gly Leu Cys Phe Pro Leu Val Lys Ala Cys

65 70 75 80

Val Phe Gly Asn Glu Pro Lys Ala Ser Asp Glu Val Pro Leu Ala Pro

85 90 95

Arg Thr Glu Ala Ala Glu Thr Thr Pro Met Trp Gln Ala Leu Lys Leu

100 105 110

Leu Phe Cys Ala Thr Gly Leu Gln Val Ser Tyr Leu Thr Trp Gly Val

115 120 125

Leu Gln Glu Arg Val Met Thr Arg Ser Tyr Gly Ala Thr Ala Thr Ser

130 135 140

Pro Gly Glu Arg Phe Thr Asp Ser Gln Phe Leu Val Leu Met Asn Arg

145 150 155 160

Val Leu Ala Leu Ile Val Ala Gly Leu Ser Cys Val Leu Cys Lys Gln

165	170	175
Pro Arg His Gly Ala Pro Met Tyr Arg Tyr Ser Phe Ala Ser Leu Ser		
180	185	190
Asn Val Leu Ser Ser Trp Cys Gln Tyr Glu Ala Leu Lys Phe Val Ser		
195	200	205
Phe Pro Thr Gln Val Leu Ala Lys Ala Ser Lys Val Ile Pro Val Met		
210	215	220
Leu Met Gly Lys Leu Val Ser Arg Arg Ser Tyr Glu His Trp Glu Tyr		
225	230	235
240		
Leu Thr Ala Thr Leu Ile Ser Ile Gly Val Ser Met Phe Leu Leu Ser		
245	250	255
Ser Gly Pro Glu Pro Arg Ser Ser Pro Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu		
260	265	270
Ile Leu Leu Ala Gly Tyr Ile Ala Phe Asp Ser Phe Thr Ser Asn Trp		
275	280	285
Gln Asp Ala Leu Phe Ala Tyr Lys Met Ser Ser Val Gln Met Met Phe		
290	295	300
Gly Val Asn Phe Phe Ser Cys Leu Phe Thr Val Gly Ser Leu Leu Glu		
305	310	315
320		
Gln Gly Ala Leu Leu Glu Gly Thr Arg Phe Met Gly Arg His Ser Glu		
325	330	335
Phe Ala Ala His Ala Leu Leu Leu Ser Ile Cys Ser Ala Cys Gly Gln		
340	345	350
Leu Phe Ile Phe Tyr Thr Ile Gly Gln Phe Gly Ala Ala Val Phe Thr		
355	360	365
Ile Ile Met Thr Leu Arg Gln Ala Phe Ala Ile Leu Leu Ser Cys Leu		
370	375	380
Leu Tyr Gly His Thr Val Thr Val Val Gly Gly Leu Gly Val Ala Val		
385	390	395
		400

Val Phe Ala Ala Leu Leu Leu Arg Val Tyr Ala Arg Gly Arg Leu Lys

405

410

415

Gln Arg Gly Lys Lys Ala Val Pro Val Glu Ser Pro Val Gln Lys Val

420

425

430

【0063】

<210> 7

<211> 306

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 7

Met Gly His Arg Thr Leu Val Leu Pro Trp Val Leu Leu Thr Leu Cys

1

5

10

15

Val Thr Ala Gly Thr Pro Glu Val Trp Val Gln Val Arg Met Glu Ala

20

25

30

Thr Glu Leu Ser Ser Phe Thr Ile Arg Cys Gly Phe Leu Gly Ser Gly

35

40

45

Ser Ile Ser Leu Val Thr Val Ser Trp Gly Gly Pro Asp Gly Ala Gly

50

55

60

Gly Thr Thr Leu Ala Val Leu His Pro Glu Arg Gly Ile Arg Gln Trp

65

70

75

80

Ala Pro Ala Arg Gln Ala Arg Trp Glu Thr Gln Ser Ser Ile Ser Leu

85

90

95

Ile Leu Glu Gly Ser Gly Ala Ser Ser Pro Cys Ala Asn Thr Thr Phe

100

105

110

Cys Cys Lys Phe Ala Ser Phe Pro Glu Gly Ser Trp Glu Ala Cys Gly

115

120

125

Ser Leu Pro Pro Ser Ser Asp Pro Gly Leu Ser Ala Pro Pro Thr Pro

130

135

140

Ala Pro Ile Leu Arg Ala Asp Leu Ala Gly Ile Leu Gly Val Ser Gly
 145 150 155 160
 Val Leu Leu Phe Gly Cys Val Tyr Leu Leu His Leu Leu Arg Arg His
 165 170 175
 Lys His Arg Pro Ala Pro Arg Leu Gln Pro Ser Arg Thr Ser Pro Gln
 180 185 190
 Ala Pro Arg Ala Arg Ala Trp Ala Pro Ser Gln Ala Ser Gln Ala Ala
 195 200 205
 Leu His Val Pro Tyr Ala Thr Ile Asn Thr Ser Cys Arg Pro Ala Thr
 210 215 220
 Leu Asp Thr Ala His Pro His Gly Gly Pro Ser Trp Trp Ala Ser Leu
 225 230 235 240
 Pro Thr His Ala Ala His Arg Pro Gln Gly Pro Ala Ala Trp Ala Ser
 245 250 255
 Thr Pro Ile Pro Ala Arg Gly Ser Phe Val Ser Val Glu Asn Gly Leu
 260 265 270
 Tyr Ala Gln Ala Gly Glu Arg Pro Pro His Thr Gly Pro Gly Leu Thr
 275 280 285
 Leu Phe Pro Asp Pro Arg Gly Pro Arg Ala Met Glu Gly Pro Leu Gly
 290 295 300
 Val Arg
 305

[0064]

<210> 8
 <211> 555
 <212> PRT
 <213> Homo sapience
 <400> 8

Met	Gln	Ser	Cys	Glu	Ser	Ser	Gly	Asp	Ser	Ala	Asp	Asp	Pro	Leu	Ser
1				5					10					15	
Arg	Gly	Leu	Arg	Arg	Arg	Gly	Gln	Pro	Arg	Val	Val	Val	Ile	Gly	Ala
			20					25					30		
Gly	Leu	Ala	Gly	Leu	Ala	Ala	Ala	Lys	Ala	Leu	Leu	Glu	Gln	Gly	Phe
		35					40					45			
Thr	Asp	Val	Thr	Val	Leu	Glu	Ala	Ser	Ser	His	Ile	Gly	Gly	Arg	Val
		50					55					60			
Gln	Ser	Val	Lys	Leu	Gly	His	Ala	Thr	Phe	Glu	Leu	Gly	Ala	Thr	Trp
65					70					75				80	
Ile	His	Gly	Ser	His	Gly	Asn	Pro	Ile	Tyr	His	Leu	Ala	Glu	Ala	Asn
				85					90				95		
Gly	Leu	Leu	Glu	Glu	Thr	Thr	Asp	Gly	Glu	Arg	Ser	Val	Gly	Arg	Ile
			100					105					110		
Ser	Leu	Tyr	Ser	Lys	Asn	Gly	Val	Ala	Cys	Tyr	Leu	Thr	Asn	His	Gly
		115					120					125			
Arg	Arg	Ile	Pro	Lys	Asp	Val	Val	Glu	Glu	Phe	Ser	Asp	Leu	Tyr	Asn
		130					135					140			
Glu	Val	Tyr	Asn	Leu	Thr	Gln	Glu	Phe	Phe	Arg	His	Asp	Lys	Pro	Val
145					150					155				160	
Asn	Ala	Glu	Ser	Gln	Asn	Ser	Val	Gly	Val	Phe	Thr	Arg	Glu	Glu	Val
				165					170				175		
Arg	Asn	Arg	Ile	Arg	Asn	Asp	Pro	Asp	Asp	Pro	Glu	Ala	Thr	Lys	Arg
			180					185					190		
Leu	Lys	Leu	Ala	Met	Ile	Gln	Gln	Tyr	Leu	Lys	Val	Glu	Ser	Cys	Glu
			195					200					205		
Ser	Ser	Ser	His	Ser	Met	Asp	Glu	Val	Ser	Leu	Ser	Ala	Phe	Gly	Glu
		210						215					220		
Trp	Thr	Glu	Ile	Pro	Gly	Ala	His	His	Ile	Ile	Pro	Ser	Gly	Phe	Met

225	230	235	240
Arg Val Val Glu Leu Leu Ala Glu Gly Ile Pro Ala His Val Ile Gln			
245	250	255	
Leu Gly Lys Pro Val Arg Cys Ile His Trp Asp Gln Ala Ser Ala Arg			
260	265	270	
Pro Arg Gly Pro Glu Ile Glu Pro Arg Gly Glu Gly Asp His Asn His			
275	280	285	
Asp Thr Gly Glu Gly Gly Gln Gly Gly Glu Glu Pro Arg Gly Gly Arg			
290	295	300	
Trp Asp Glu Asp Glu Gln Trp Ser Val Val Val Glu Cys Glu Asp Cys			
305	310	315	320
Glu Leu Ile Pro Ala Asp His Val Ile Val Thr Val Ser Leu Gly Val			
325	330	335	
Leu Lys Arg Gln Tyr Thr Ser Phe Phe Arg Pro Gly Leu Pro Thr Glu			
340	345	350	
Lys Val Ala Ala Ile His Arg Leu Gly Ile Gly Thr Thr Asp Lys Ile			
355	360	365	
Phe Leu Glu Phe Glu Glu Pro Phe Trp Gly Pro Glu Cys Asn Ser Leu			
370	375	380	
Gln Phe Val Trp Glu Asp Glu Ala Glu Ser His Thr Leu Thr Tyr Pro			
385	390	395	400
Pro Glu Leu Trp Tyr Arg Lys Ile Cys Gly Phe Asp Val Leu Tyr Pro			
405	410	415	
Pro Glu Arg Tyr Gly His Val Leu Ser Gly Trp Ile Cys Gly Glu Glu			
420	425	430	
Ala Leu Val Met Glu Lys Cys Asp Asp Glu Ala Val Ala Glu Ile Cys			
435	440	445	
Thr Glu Met Leu Arg Gln Phe Thr Gly Asn Pro Asn Ile Pro Lys Pro			
450	455	460	

Arg	Arg	Ile	Leu	Arg	Ser	Ala	Trp	Gly	Ser	Asn	Pro	Tyr	Phe	Arg	Gly
465					470					475					480
Ser	Tyr	Ser	Tyr	Thr	Gln	Val	Gly	Ser	Ser	Gly	Ala	Asp	Val	Glu	Lys
				485					490					495	
Leu	Ala	Lys	Pro	Leu	Pro	Tyr	Thr	Glu	Ser	Ser	Lys	Thr	Ala	Pro	Met
			500						505					510	
Gln	Val	Leu	Phe	Ser	Gly	Glu	Ala	Thr	His	Arg	Lys	Tyr	Tyr	Ser	Thr
			515					520						525	
Thr	His	Gly	Ala	Leu	Leu	Ser	Gly	Gln	Arg	Glu	Ala	Ala	Arg	Leu	Ile
		530					535							540	
Glu	Met	Tyr	Arg	Asp	Leu	Phe	Gln	Gln	Gly	Thr					
545					550									555	

【0065】

<210> 9

<211> 250

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 9

Met	Gly	Ser	Gln	His	Ser	Ala	Ala	Ala	Arg	Pro	Ser	Ser	Cys	Arg	Arg
1				5					10					15	
Lys	Gln	Glu	Asp	Asp	Arg	Asp	Gly	Leu	Leu	Ala	Glu	Arg	Glu	Gln	Glu
				20					25					30	
Glu	Ala	Ile	Ala	Gln	Phe	Pro	Tyr	Val	Glu	Phe	Thr	Gly	Arg	Asp	Ser
			35						40					45	
Ile	Thr	Cys	Leu	Thr	Cys	Gln	Gly	Thr	Gly	Tyr	Ile	Pro	Thr	Glu	Gln
			50					55						60	
Val	Asn	Glu	Leu	Val	Ala	Leu	Ile	Pro	His	Ser	Asp	Gln	Arg	Leu	Arg
65						70								75	80

Pro	Gln	Arg	Thr	Lys	Gln	Tyr	Val	Leu	Leu	Ser	Ile	Leu	Leu	Cys	Leu
				85					90					95	
Leu	Ala	Ser	Gly	Leu	Val	Val	Phe	Phe	Leu	Phe	Pro	His	Ser	Val	Leu
			100					105						110	
Val	Asp	Asp	Asp	Gly	Ile	Lys	Val	Val	Lys	Val	Thr	Phe	Asn	Lys	Gln
			115				120						125		
Asp	Ser	Leu	Val	Ile	Leu	Thr	Ile	Met	Ala	Thr	Leu	Lys	Ile	Arg	Asn
			130				135						140		
Ser	Asn	Phe	Tyr	Thr	Val	Ala	Val	Thr	Ser	Leu	Ser	Ser	Gln	Ile	Gln
	145					150				155				160	
Tyr	Met	Asn	Thr	Val	Val	Ser	Thr	Tyr	Val	Thr	Thr	Asn	Val	Ser	Leu
			165					170						175	
Ile	Pro	Pro	Arg	Ser	Glu	Gln	Leu	Val	Asn	Phe	Thr	Gly	Lys	Ala	Glu
			180					185						190	
Met	Gly	Gly	Pro	Phe	Ser	Tyr	Val	Tyr	Phe	Phe	Cys	Thr	Val	Pro	Glu
			195					200						205	
Ile	Leu	Val	His	Asn	Ile	Val	Ile	Phe	Met	Arg	Thr	Ser	Val	Lys	Ile
		210				215					220				
Ser	Tyr	Ile	Gly	Leu	Met	Thr	Gln	Ser	Ser	Leu	Glu	Thr	His	His	Tyr
	225					230				235				240	
Val	Asp	Cys	Gly	Gly	Asn	Ser	Thr	Ala	Ile						
					245				250						

【0066】

<210> 10

<211> 174

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 10

Met	Gln	Ala	Pro	Ala	Phe	Arg	Asp	Lys	Lys	Gln	Gly	Val	Ser	Ala	Lys
1				5					10					15	
Asn	Gln	Gly	Ala	His	Asp	Pro	Asp	Tyr	Glu	Asn	Ile	Thr	Leu	Ala	Phe
			20					25					30		
Lys	Asn	Gln	Asp	His	Ala	Lys	Gly	Gly	His	Ser	Arg	Pro	Thr	Ser	Gln
			35					40					45		
Val	Pro	Ala	Gln	Cys	Arg	Pro	Pro	Ser	Asp	Ser	Thr	Gln	Val	Pro	Cys
			50				55					60			
Trp	Leu	Tyr	Arg	Ala	Ile	Leu	Ser	Leu	Tyr	Ile	Leu	Leu	Ala	Leu	Ala
65					70					75				80	
Phe	Val	Leu	Cys	Ile	Ile	Leu	Ser	Ala	Phe	Ile	Met	Val	Lys	Asn	Ala
					85					90				95	
Glu	Met	Ser	Lys	Glu	Leu	Leu	Gly	Phe	Lys	Arg	Glu	Leu	Trp	Asn	Val
			100					105					110		
Ser	Asn	Ser	Val	Gln	Ala	Cys	Glu	Glu	Arg	Gln	Lys	Arg	Gly	Trp	Asp
			115					120					125		
Ser	Val	Gln	Gln	Ser	Ile	Thr	Met	Val	Arg	Ser	Lys	Ile	Asp	Arg	Leu
			130					135					140		
Glu	Thr	Thr	Leu	Ala	Gly	Ile	Lys	Asn	Ile	Asp	Thr	Lys	Val	Gln	Lys
145					150					155				160	
Ile	Leu	Glu	Val	Leu	Gln	Lys	Met	Pro	Gln	Ser	Ser	Pro	Gln		
					165					170					

[0067]

<210> 11

<211> 1908

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 11

atgaccacgt ggagccitccg gcggaggccg gcccgcacgc tgggactcct gctgctggtc 60
 gtcttgggct tcttggtgct tcgcaggctg gactggagca ccttggtccc tctgcggctc 120
 cgccatcgac agctggggct gcaggccaag ggctggaact tcatgctgga ggattccacc 180
 ttctggatct tcgggggctc catccactat ttccgtgtgc ccaggaggta ctggagggac 240
 cgcttctga agatgaaggc ctgtggcttg aacaccctca ccacctatgt tccgtggaac 300
 ctgcatgagc cagaaagagg caaatttgac ttctctggga acctggacct ggaggccttc 360
 gtcctgatgg ccgcagagat cgggctgtgg gtgattctgc gtccaggccc ctacatctgc 420
 agtgagatgg acctcggggg ctgcccagc tggctactcc aagaccctgg catgaggctg 480
 aggacaactt acaagggctt caccgaagca gtggaccttt attttgacca cctgatgtcc 540
 aggggtggtgc cactccagta caagcgtggg ggacctatca ttgccgtgca ggtggagaat 600
 gaatatggtt cctataataa agaccccgc tcatgccct acgtcaagaa ggcaactggag 660
 gaccgtggca ttgtggaact gtcctgact tcagacaaca aggatgggct gagcaagggg 720
 attgtccagg gagtcttggc caccatcaac ttgcagtcaa cacacgagct gcagctactg 780
 accaccttcc tcttcaacgt ccaggggact cagcccaaga tggatgatga gtactggacg 840
 ggggtggttg actcgtgggg aggccctcac aatatcttgg attcttctga ggttttga 900
 accgtgtctg ccattgtgga cgcgggctcc tccatcaacc tctacatgtt ccacggaggc 960
 accaactttg gcttcatgaa tggagccatg cacttccatg actacaagtc agatgtcacc 1020
 agctatgact atgatgctgt gctgacagaa gccggcgatt acacggccaa gtacatgaag 1080
 cttcgagact tcttcggctc catctcaggc atccctctcc ctccccacc tgaccttctt 1140
 cccaagatgc cgtatgagcc cttaacgcca gtcttgtacc tgtctctgtg ggacgccctc 1200
 aagtacctgg gggagccaat caagtctgaa aagcccatca acatggagaa cctgccagtc 1260
 aatgggggaa atggacagtc cttcgggtac attctctatg agaccagcat cacctcgtct 1320
 ggcatcctca gtggccacgt gcatgatcgg gggcagggtg ttgtgaacac agtatccata 1380
 ggattcttgg actacaagac aacgaagatt gctgtcccc tgatccaggg ttacaccgtg 1440
 ctgaggatct tgggtggagaa tcgtgggcga gtcaactatg gggagaatat tgatgaccag 1500
 cgcaaaggct taattggaaa tctctatctg aatgattcac cctgaaaaa cttcagaatc 1560
 tatagcctgg atatgaagaa gagcttcttt cagaggttcg gcctggacaa atggagttcc 1620
 ctcccagaaa caccacatt acctgcttcc ttcttgggta gcttgtccat cagctccacc 1680
 ccttgtgaca cctttctgaa gctggagggc tgggagaagg gggttgtatt catcaatggc 1740

cagaaccttg gacgttactg gaacattgga cccagaaga cgctttacct cccagggtccc 1800
 tggttgagca gcggaatcaa ccagggtcatc gtttttgagg agacgatggc gggccctgca 1860
 ttacagtica cggaaccccc ccacctgggc aggaaccagt acattaag 1908

【0068】

<210> 12

<211> 954

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 12

atggttgagc tcatgttccc gctgttgctc ctcttctgc ccttcttct gtatatggct 60
 gcgccccaaa tcaggaaaat gctgtccagt ggggtgtgta catcaactgt tcagcttctt 120
 gggaaagtag ttgtggtcac aggagctaata acaggtatcg ggaaggagac agccaaagag 180
 ctggctcaga gaggagctcg agtatattta gcttgccggg atgtggaaaa gggggaattg 240
 gtggccaaag agatccagac cagcagagg aaccagcagg tgttgggtcg gaaactggac 300
 ctgtctgata ctaagtctat tcgagctttt gctaagggtt tcttagctga ggaaaagcac 360
 ctccacgttt tgatcaacaa tgcaggagtg atgatgtgtc cgtactcgaa gacagcagat 420
 ggctttgaga tgcacatagg agtcaaccac ttgggtcact tcttctaac ccactgtctg 480
 ctagagaaac taaaggaatc agcccatca aggatagtaa atgtgtcttc cctcgccat 540
 cacctgggaa ggtaccactt ccataacctg cagggcgaga aattctacaa tgcaggcctg 600
 gcctactgtc acagcaagct agccaacatc ctcttcccc aggaactggc ccggagacta 660
 aaaggctctg gcgttacgac gtattctgta caccctggca cagtccaatc tgaactgggt 720
 cggcactcat ctttcatgag atggatgtgg tggcttttct ctttttcat caagactcct 780
 cagcaggag cccagaccag cctgcactgt gccttaacag aaggtcttga gattctaagt 840
 gggaatcatt tcagtactg tcatgtggca tgggtctctg cccaagctcg taatgagact 900
 atagcaaggc ggctgtggga cgtcagttgt gacctgctgg gcctcccaat agac 954

【0069】

<210> 13

<211> 246

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 13

atggccttta ccctgtactc actgctgcag gcagccctgc tctgcgtcaa cgccatcgca	60
gtgctgcacg aggagcgatt cctcaagaac attggctggg gaacagacca gggaattggt	120
ggatttggag aagagccggg aattaaatca cagctaataa accttattcg atctgtaaga	180
accgtgatga gagtgccatt gataatagta aactcaattg caattgtgtt acttttatta	240
tttggga	246

【0070】

<210> 14

<211> 741

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 14

atgcatcttg cacgtctggt cggctcctgc tccctccttc tgctactggg ggccctgtct	60
ggatgggcgg ccagcgatga cccattgag aaggtcattg aagggatcaa ccgagggctg	120
agcaatgcag agagagaggt gggcaaggcc ctggatggca tcaacagtgg aatcacgcat	180
gccggaaggg aagtggagaa ggttttcaac ggacttagca acatggggag ccacaccggc	240
aaggagttag acaaaggcgt ccaggggctc aaccacggca tggacaaggt tgcccatgag	300
atcaaccatg gtattggaca agcaggaaag gaagcagaga agcttggcca tggggtcaac	360
aacgtgctg gacaggccgg gaaggaagca gacaaagcgg tccaagggtt ccacactggg	420
gtccaccagg ctgggaagga agcagagaaa cttggccaag ggggtcaacca tgctgctgac	480
caggctggaa aggaagtgga gaagcttggc caaggtgccc accatgctgc tggccaggcc	540
gggaaggagc tgcagaatgc tcataatggg gtcaaccaag ccagcaagga ggccaaccag	600
ctgctgaatg gcaaccatca aagcgatct tccagccatc aaggaggggc cacaaccag	660
ccgttagcct ctggggcctc ggtcaacacg cttttcatca accttcccgc cctgtggagg	720
agcgtcgcca acatcatgcc c	741

【0071】

<210> 15

<211> 618

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 15

atggccccca gccacctgtc agtgcgggag atgaggggaag atgagaagcc cctgggtgctg	60
gagatgctga aggccggcgt gaaggacacg gaaaaccgcg tggccctcca tgccttgaca	120
cggccgccgg ccctgtctct cctggcggcg gccagcagcg gcctgcgctt tgtcctggct	180
tccttcgccc tggccctcct cctgccggtg ttcctggctg tggccgccgt gaagctgggc	240
ctgcggggccc gatggggctc gctgcctccg ccgggtggcc tggggggccc ctgggtggcc	300
gtgcggggct ccggtgacgt gtgtggggct ctggctctgg cccctggcac aaatgcaggg	360
gacggggccc gggtcacccg cctgtctgtc tctcgtggc accgccgcg gggcgtgggc	420
aggaggctgc tggccttcgc ggaggcccg gctcgggcct gggctggggg catgggggag	480
ccccgggccc ggctcgtggt ccccggtggt gtggccgcct ggggggtggg agggatgctg	540
gagggtgtg gctaccaggc cgaggggggc tggggctgcc tgggctacac gctgggtgagg	600
gaattcagca aagacctg	618

【0072】

<210> 16

<211> 1296

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 16

atggacgcca gatggtgggc agtgggtgtg ctggctgcgt tcccctcct aggggcaggt	60
ggggagactc ccgaagcccc tccggagtca tggaccacgc tatggttctt ccgatttgtg	120
gtgaatgctg ctggctatgc cagctttatg gtacctggct acctcctggt gcagtacttc	180
aggcgggaaga actacctgga gaccggtagg ggcctctgct tcccctggt gaaagcttgt	240

gtgtttggca atgagcccaa ggcctctgat gaggttcccc tggcgccccg aacagaggcg 300
gcagagacca ccccgatgtg gcaggccctg aagctgctct tctgtgccac agggctccag 360
gtgtcttata tgacttgggg tgtgctgcag gaaagagtga tgaccgcag ctatggggcc 420
acagccacat caccgggtga gcgctttacg gactcgcagt tcctggtgct aatgaaccga 480
gtgctggcac tgattgtggc tggcctctcc tgtgttctct gcaagcagcc ccggcatggg 540
gcacccatgt accggtactc ctttgccagc ctgtccaatg tgcttagcag ctggtgccaa 600
tacgaagctc ttaagttcgt cagcttcccc acccaggtgc tggccaaggc ctctaagggt 660
atccctgtca tgctgatggg aaagcttgtg tctcggcgca gctacgaaca ctgggagtac 720
ctgacagcca cactcatctc cattgggggtc agcatgtttc tgctatccag cggaccagag 780
ccccgcagct cccagccac cacactctca ggcctcatct tactggcagg ttatatgtct 840
tttgacagct tcacctcaaa ctggcaggat gccctgtttg cctataagat gtcacgggtg 900
cagatgatgt ttgggggtcaa tttcttctcc tgcctcttca cagtgggctc actgctagaa 960
cagggggccc tactggaggg aaccgccttc atggggcgac acagttagtt tgcigcccat 1020
gccctgctac tctccatctg ctccgcatgt ggccagctct tcattcttta caccattggg 1080
cagtttgggg ctgccgtctt caccatcacc atgacctcc gccaggcctt tgccatcctt 1140
ctttcctgcc ttctctatgg ccacactgtc actgtggtgg gagggctggg ggtggctgtg 1200
gtctttgctg ccttcctgct cagagtctac gcgcggggcc gtctaaagca acggggaaag 1260
aaggctgtgc ctgttgagtc tcctgtgcag aaggtt 1296

【0073】

<210> 17

<211> 918

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 17

atggggcacc ggaccttggt cctgccctgg gtgctgctga ccttgtgtgt cactgcgggg 60
accccgaggg tgtgggttca agttcgatg gaggccaccg agctctcgtc cttcaccatc 120
cgttgtgggt tcctgggggtc tggctccatc tccctggtga ctgtgagctg ggggggcccc 180
gacggtgctg gggggaccac gctggctgtg ttgcaccag aacgtggcat ccggcaatgg 240

gcccctgctc gccaggcccg ctgggaaacc cagagcagca tctcttcat cctggaaggc 300
 tctggggcca gcagcccctg cgccaacacc accttctgct gcaagtttgc gtccttcctt 360
 gagggctcct gggaggcctg tgggagcctc ccgcccagct cagaccagg gctctctgcc 420
 ccgcccagctc ctgcccccat tctgcgggca gacctggccg ggatcttggg ggtctcagga 480
 gtcttctctt ttggctgtgt ctacctcctt catctgctgc gccgacataa gcaccgccct 540
 gcccctaggc tccagccgtc ccgcaccagc ccccaggcac cgagagcacg agcatgggca 600
 ccaagccagg cctcccaggc tgctcttcac gtcccttatg ccactatcaa caccagctgc 660
 cggccagcta ctttgacac agctacccc catggggggc cgtcctggtg ggcgtcactc 720
 cccacccacg ctgcacaccg gcccagggc cctgccgcct gggcctccac acccatcctt 780
 gcacgtggca gcttctctc tgttgagaat ggactctacg ctgaggcagg ggagaggcct 840
 cctcacactg gtcccgccct cactctttt cctgaccctc gggggcccag ggccatggaa 900
 ggacccttag gagttcga 918

【0074】

<210> 18

<211> 1665

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 18

atgcaaagtt gtgaatccag tggtagacagt gcggaatgacc ctctcagtcg cggcctacgg 60
 agaaggggac agccicgtgt ggtgggtgatc ggccggcgtt tggctggcct ggctgcagcc 120
 aaagcacttc ttgagcaggg ttacacggat gtcactgtgc ttgaggcttc cagccacatc 180
 ggaggccgtg tgcagagtgt gaaacttggg cacgccacct ttgagctggg agccacctgg 240
 atccatggct cccatgggaa ccctatctat catctagcag aagccaacgg cctcctggaa 300
 gagacaaccg atggggaacg cagcgtgggc cgcacagcc tctattccaa gaatggcgtg 360
 gcctgctacc ttaccaacca cggccgcagg atccccaagg acgtgggtga ggaattcagc 420
 gatttataca acgaggctca taacttgacc caggagtctt tccggcacga taaaccagtc 480
 aatgctgaaa gtcaaaatag cgtgggggtg ttaccccgag aggaggtgcg taaccgcac 540
 aggaatgacc ctgacgaccc agaggctacc aagcgccctga agctcgccat gatccagcag 600

tacctgaagg tggagagctg tgagagcagc tcacacagca tggacgaggt gtccttgagc 660
gccttcgggg agtggaccga gatccccggc gctcaccaca tcatcccctc gggcttcattg 720
cgggttgttg agctgctggc ggagggcatc cctgcccacg tcatccagct agggaaacct 780
gtccgctgca ttcactggga ccaggcctca gcccgcacca gaggccctga gattgagccc 840
cggggtgagg gcgaccacaa tcacgacact ggggaggggtg gccagggttg agaggagccc 900
cgggggggca ggtgggatga ggatgagcag tggtcgggtg tggtgagtg cgaggactgt 960
gagctgatcc cggcggacca tgtgattgtg accgtgtcgc taggtgtgct aaagaggcag 1020
tacaccagtt tcttccggcc aggcctgccc acagagaagg tggctgcat ccaccgcctg 1080
ggcattggca ccaccgacaa gatctttctg gaattcgagg agcccttctg gggccctgag 1140
tgcaacagcc tacagtttgt gtgggaggac gaagcggaga gccacaccct cacctacca 1200
cctgagctct ggtaccgcaa gatctgcggc tttgatgtcc tctaccgcc tgagcgctac 1260
ggccatgtgc tgagcggctg gatctgcggg gaggaggccc tcgtcatgga gaagtgtgat 1320
gacgaggcag tggccgagat ctgcacggag atgctgcgtc agttcacagg gaaccccaac 1380
attccaaaac ctgcggaat cttgcgtcg gcctggggca gcaaccctta cttccgcggc 1440
tcctattcat acacgcaggt gggctccagc ggggcggatg tggagaagct ggccaagccc 1500
ctgccgtaca cggagagctc aaagacagcg cccatgcagg tgctgttttc cggtagggcc 1560
accacccgca agtactattc caccaccac ggtgctctgc tgtccggcca gcgtgaggct 1620
gcccgcctca ttgagatgta ccgagacctc ttccagcagg ggacc 1665

【0075】

<210> 19

<211> 750

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 19

atggggcttc agcattccgc tgctgctcgc ccctcctcct gcaggcgaaa gcaagaagat 60
gacagggacg gtttgctggc tgaacgagag caggaagaag ccattgctca gttcccatat 120
gtggaattca ccgggagaga tagcatcacc tgtctcacgt gccaggggac aggctacatt 180
ccaacagagc aagtaaatga gttggtggct ttgatccac acagtgatca gagattgcgc 240

ccicagcgaa ctaagcaata tgcctcctg tccatcctgc tttgtctcct ggcatctggt 300
 ttggtgggtt tcttctgtt tccgattca gtccttgtgg atgatgacgg catcaaagt 360
 gtgaaagtca catttaataa gcaagactcc ctgttaattc tcaccatcat ggccaccctg 420
 aaaatcagga actccaactt ctacacgggtg gcagtigacca gcctgtccag ccagattcag 480
 tacatgaaca cagtgggtcag tacatagtg actactaacg tctcccttat tccacctcgg 540
 agtgagcaac tgggtgaattt taccgggaag gccgagatgg gaggaccgtt ttcctatgtg 600
 tacttcttct gcacgggtacc tgagatcctg gtgcacaaca tagtgatctt catgcgaact 660
 tcagtgaaga ttccatacat tggcctcatg acccagagct ccttgagagac acatcactat 720
 gtggattgtg gaggaaattc cacagctatt 750

【0076】

<210> 20

<211> 522

<212> DNA

<213> Homo sapience

<400> 20

atgcaagcac cagccttcag ggacaagaaa caggggggtct cagccaagaa tcaaggtgcc 60
 catgaccag actatgagaa tatcaccttg gccttcaaaa atcaggacca tgcaaagggt 120
 ggtcattcac gaccacagag ccaagtccca gccagtgca ggccgccctc agactccacc 180
 caggtcccct gctggttgta cagagccatc ctgagcctgt acatcctcct ggccctggcc 240
 tttgtcctct gcatcatcct gtcagccttc atcatggtga agaattgctga gatgtccaag 300
 gagctgctgg gctttaaaag ggagctttgg aatgtctcaa actccgtaca agcatgcgaa 360
 gagagacaga agagaggctg ggattccgtt cagcagagca tcaccatggt caggagcaag 420
 attgatagat tagagacgac attagcaggc ataaaaaaca ttgacacaaa ggtacagaaa 480
 atcttgagg tgctgcagaa aatgccacag tcttcacctc aa 522

【0077】

<210> 21

<211> 3234

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (129)...(2039)

<400> 21

aatgagcgcc	ggcgggccc	ttgcccaggc	gaccagcgcg	cggtccgcc	ccccgcggcg	60
aggctcccgc	gcgcggctga	gtgcggactg	gagtgggaac	ccgggtcccc	gcgcttagag	120
aacacgcg	atg acc acg tgg agc ctc	cgg cgg agg ccg gcc cgc acg ctg	170			
Met Thr Thr Trp Ser Leu Arg Arg Arg Pro Ala Arg Thr Leu						
1	5	10				
gga ctc ctg ctg ctg gtc gtc ttg ggc ttc ctg gtg ctt cgc agg ctg	218					
Gly Leu Leu Leu Leu Val Val Leu Gly Phe Leu Val Leu Arg Arg Leu						
15	20	25	30			
gac tgg agc acc ctg gtc cct ctg cgg ctc cgc cat cga cag ctg ggg	266					
Asp Trp Ser Thr Leu Val Pro Leu Arg Leu Arg His Arg Gln Leu Gly						
35	40	45				
ctg cag gcc aag ggc tgg aac ttc atg ctg gag gat tcc acc ttc tgg	314					
Leu Gln Ala Lys Gly Trp Asn Phe Met Leu Glu Asp Ser Thr Phe Trp						
50	55	60				
atc ttc ggg ggc tcc atc cac tat ttc cgt gtg ccc agg gag tac tgg	362					
Ile Phe Gly Gly Ser Ile His Tyr Phe Arg Val Pro Arg Glu Tyr Trp						
65	70	75				
agg gac cgc ctg ctg aag atg aag gcc tgt ggc ttg aac acc ctc acc	410					
Arg Asp Arg Leu Leu Lys Met Lys Ala Cys Gly Leu Asn Thr Leu Thr						
80	85	90				
acc tat gtt ccg tgg aac ctg cat gag cca gaa aga ggc aaa ttt gac	458					
Thr Tyr Val Pro Trp Asn Leu His Glu Pro Glu Arg Gly Lys Phe Asp						
95	100	105	110			

ttc tct ggg aac ctg gac ctg gag gcc ttc gtc ctg atg gcc gca gag	506
Phe Ser Gly Asn Leu Asp Leu Glu Ala Phe Val Leu Met Ala Ala Glu	
115 120 125	
atc ggg ctg tgg gtg att ctg cgt cca ggc ccc tac atc tgc agt gag	554
Ile Gly Leu Trp Val Ile Leu Arg Pro Gly Pro Tyr Ile Cys Ser Glu	
130 135 140	
atg gac ctc ggg ggc ttg ccc agc tgg cta ctc caa gac cct ggc atg	602
Met Asp Leu Gly Gly Leu Pro Ser Trp Leu Leu Gln Asp Pro Gly Met	
145 150 155	
agg ctg agg aca act tac aag ggc ttc acc gaa gca gtg gac ctt tat	650
Arg Leu Arg Thr Thr Tyr Lys Gly Phe Thr Glu Ala Val Asp Leu Tyr	
160 165 170	
ttt gac cac ctg atg tcc agg gtg gtg cca ctc cag tac aag cgt ggg	698
Phe Asp His Leu Met Ser Arg Val Val Pro Leu Gln Tyr Lys Arg Gly	
175 180 185 190	
gga cct atc att gcc gtg cag gtg gag aat gaa tat ggt tcc tat aat	746
Gly Pro Ile Ile Ala Val Gln Val Glu Asn Glu Tyr Gly Ser Tyr Asn	
195 200 205	
aaa gac ccc gca tac atg ccc tac gtc aag aag gca ctg gag gac cgt	794
Lys Asp Pro Ala Tyr Met Pro Tyr Val Lys Lys Ala Leu Glu Asp Arg	
210 215 220	
ggc att gtg gaa ctg ctc ctg act tca gac aac aag gat ggg ctg agc	842
Gly Ile Val Glu Leu Leu Leu Thr Ser Asp Asn Lys Asp Gly Leu Ser	
225 230 235	
aag ggg att gtc cag gga gtc ttg gcc acc atc aac ttg cag tca aca	890
Lys Gly Ile Val Gln Gly Val Leu Ala Thr Ile Asn Leu Gln Ser Thr	
240 245 250	
cac gag ctg cag cta ctg acc acc ttt ctc ttc aac gtc cag ggg act	938
His Glu Leu Gln Leu Leu Thr Thr Phe Leu Phe Asn Val Gln Gly Thr	

255	260	265	270	
cag ccc aag atg gtg atg gag tac tgg acg ggg tgg ttt gac tcg tgg				986
Gln Pro Lys Met Val Met Glu Tyr Trp Thr Gly Trp Phe Asp Ser Trp				
275	280	285		
gga ggc cct cac aat atc ttg gat tct tct gag gtt ttg aaa acc gtg				1034
Gly Gly Pro His Asn Ile Leu Asp Ser Ser Glu Val Leu Lys Thr Val				
290	295	300		
tct gcc att gtg gac gcc ggc tcc tcc atc aac ctc tac atg ttc cac				1082
Ser Ala Ile Val Asp Ala Gly Ser Ser Ile Asn Leu Tyr Met Phe His				
305	310	315		
gga ggc acc aac ttt ggc ttc atg aat gga gcc atg cac ttc cat gac				1130
Gly Gly Thr Asn Phe Gly Phe Met Asn Gly Ala Met His Phe His Asp				
320	325	330		
tac aag tca gat gtc acc agc tat gac tat gat gct gtg ctg aca gaa				1178
Tyr Lys Ser Asp Val Thr Ser Tyr Asp Tyr Asp Ala Val Leu Thr Glu				
335	340	345	350	
gcc ggc gat tac acg gcc aag tac atg aag ctt cga gac ttc ttc ggc				1226
Ala Gly Asp Tyr Thr Ala Lys Tyr Met Lys Leu Arg Asp Phe Phe Gly				
355	360	365		
tcc atc tca ggc atc cct ctc cct ccc cca cct gac ctt ctt ccc aag				1274
Ser Ile Ser Gly Ile Pro Leu Pro Pro Pro Pro Asp Leu Leu Pro Lys				
370	375	380		
atg ccg tat gag ccc tta acg cca gtc ttg tac ctg tct ctg tgg gac				1322
Met Pro Tyr Glu Pro Leu Thr Pro Val Leu Tyr Leu Ser Leu Trp Asp				
385	390	395		
gcc ctc aag tac ctg ggg gag cca atc aag tct gaa aag ccc atc aac				1370
Ala Leu Lys Tyr Leu Gly Glu Pro Ile Lys Ser Glu Lys Pro Ile Asn				
400	405	410		
atg gag aac ctg cca gtc aat ggg gga aat gga cag tcc ttc ggg tac				1418

Met	Glu	Asn	Leu	Pro	Val	Asn	Gly	Gly	Asn	Gly	Gln	Ser	Phe	Gly	Tyr	
415					420					425					430	
att	ctc	tat	gag	acc	agc	atc	acc	tcg	tct	ggc	atc	ctc	agt	ggc	cac	1466
Ile	Leu	Tyr	Glu	Thr	Ser	Ile	Thr	Ser	Ser	Gly	Ile	Leu	Ser	Gly	His	
			435						440					445		
gtg	cat	gat	cgg	ggg	cag	gtg	ttt	gtg	aac	aca	gta	tcc	ata	gga	ttc	1514
Val	His	Asp	Arg	Gly	Gln	Val	Phe	Val	Asn	Thr	Val	Ser	Ile	Gly	Phe	
		450						455					460			
ttg	gac	tac	aag	aca	acg	aag	att	gct	gtc	ccc	ctg	atc	cag	ggt	tac	1562
Leu	Asp	Tyr	Lys	Thr	Thr	Lys	Ile	Ala	Val	Pro	Leu	Ile	Gln	Gly	Tyr	
		465						470					475			
acc	gtg	ctg	agg	atc	ttg	gtg	gag	aat	cgt	ggg	cga	gtc	aac	tat	ggg	1610
Thr	Val	Leu	Arg	Ile	Leu	Val	Glu	Asn	Arg	Gly	Arg	Val	Asn	Tyr	Gly	
	480					485				490						
gag	aat	att	gat	gac	cag	cgc	aaa	ggc	tta	att	gga	aat	ctc	tat	ctg	1658
Glu	Asn	Ile	Asp	Asp	Gln	Arg	Lys	Gly	Leu	Ile	Gly	Asn	Leu	Tyr	Leu	
495				500						505					510	
aat	gat	tca	ccc	ctg	aaa	aac	ttc	aga	atc	tat	agc	ctg	gat	atg	aag	1706
Asn	Asp	Ser	Pro	Leu	Lys	Asn	Phe	Arg	Ile	Tyr	Ser	Leu	Asp	Met	Lys	
			515							520				525		
aag	agc	ttc	ttt	cag	agg	ttc	ggc	ctg	gac	aaa	tgg	agt	tcc	ctc	cca	1754
Lys	Ser	Phe	Phe	Gln	Arg	Phe	Gly	Leu	Asp	Lys	Trp	Ser	Ser	Leu	Pro	
			530							535				540		
gaa	aca	ccc	aca	tta	cct	gct	ttc	ttc	ttg	ggt	agc	ttg	tcc	atc	agc	1802
Glu	Thr	Pro	Thr	Leu	Pro	Ala	Phe	Phe	Leu	Gly	Ser	Leu	Ser	Ile	Ser	
			545							550				555		
tcc	acc	cct	tgt	gac	acc	ttt	ctg	aag	ctg	gag	ggc	tgg	gag	aag	ggg	1850
Ser	Thr	Pro	Cys	Asp	Thr	Phe	Leu	Lys	Leu	Glu	Gly	Trp	Glu	Lys	Gly	
	560					565						570				

gtt gta ttc atc aat ggc cag aac ctt gga cgt tac tgg aac att gga	1898
Val Val Phe Ile Asn Gly Gln Asn Leu Gly Arg Tyr Trp Asn Ile Gly	
575 580 585 590	
ccc cag aag acg ctt tac ctc cca ggt ccc tgg ttg agc agc gga atc	1946
Pro Gln Lys Thr Leu Tyr Leu Pro Gly Pro Trp Leu Ser Ser Gly Ile	
595 600 605	
aac cag gtc atc gtt ttt gag gag acg atg gcg ggc cct gca tta cag	1994
Asn Gln Val Ile Val Phe Glu Glu Thr Met Ala Gly Pro Ala Leu Gln	
610 615 620	
ttc acg gaa acc ccc cac ctg ggc agg aac cag tac att aag tgag	2040
Phe Thr Glu Thr Pro His Leu Gly Arg Asn Gln Tyr Ile Lys	
625 630 635	
cggtggcacc ccctcctgct ggtgccagtg ggagactgcc gcctcctctt gacctgaagc	2100
ctggtggctg ctgccccacc cctcactgca aaagcatctc cttaagtagc aacctcaggg	2160
actgggggct acagtctgcc cctgtctcag ctcaaaaccc taagcctgca gggaaagggtg	2220
ggatggctct gggcctggct ttgttgatga tggctttcct acagccctgc tcttgtgccg	2280
aggctgtcgg gctgtctcta gggtagggagc agctaatacag atcgcccagc ctttggccct	2340
cagaaaaagt gctgaaacgt gcccttgca cggacgtcac agccctgcga gcatctgctg	2400
gactcaggcg tgctctttgc tggttcctgg gaggttggc cacatccctc atggccccat	2460
tttatccccg aaatcctggg tgtgtcacca gtgtagaggg tggggaaggg gtgtctcacc	2520
tgagctgact ttgttcttcc ttacaaacct tctgagcctt ctttgggatt ctggaaggaa	2580
ctcggcgtga gaaacatgtg acttccccct tcccttcca ctcgctgctt cccacagggt	2640
gacaggctgg gctggagaaa cagaaatcct caccctgcgt cttcccaagt tagcagggtgt	2700
ctctgggtgtt cagtgaggag gacatgtgag tcctggcaga agccatggcc catgtctgca	2760
catccaggga ggaggacaga aggcccagct cacatgtgag tcctggcaga agccatggcc	2820
catgtctgca catccaggga ggaggacaga aggcccagct cacatgtgag tcctggcaga	2880
agccatggcc catgtctgca catccaggga ggaggacaga aggcccagct cacatgtgag	2940
tcctggcaga agccatggcc catgtctgca catccaggga ggaggacaga aggcccagct	3000
cacatgtgag tcctggcaga agccatggcc catgtctgca catccaggga ggaggacaga	3060

aggcccagct cagtggcccc cgccccccac cccccacgcc cgaacagcag gggcagagca 3120
 gccctccttc gaagtggtgc caagtcgcga ttgagcctt gttctggggc ccagcccaac 3180
 acctggcttg ggctcactgt cctgagttgc agtaaagcta taaccttgaa tcac 3234

【0078】

<210> 22

<211> 2490

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (70)...(1026)

<400> 22

agaaagagaa gccatagtcg gcgagcaacg ctggagcatc ccgctctggt gccgctgcag 60
 ccggcagag atg gtt gag ctc atg ttc ccg ctg ttg ctc ctc ctt ctg ccc 111

Met Val Glu Leu Met Phe Pro Leu Leu Leu Leu Leu Leu Pro

1 5 10

ttc ctt ctg tat atg gct gcg ccc caa atc agg aaa atg ctg tcc agt 159
 Phe Leu Leu Tyr Met Ala Ala Pro Gln Ile Arg Lys Met Leu Ser Ser

15 20 25 30

ggg gtg tgt aca tca act gtt cag ctt cct ggg aaa gta gtt gtg gtc 207
 Gly Val Cys Thr Ser Thr Val Gln Leu Pro Gly Lys Val Val Val Val

35 40 45

aca gga gct aat aca ggt atc ggg aag gag aca gcc aaa gag ctg gct 255
 Thr Gly Ala Asn Thr Gly Ile Gly Lys Glu Thr Ala Lys Glu Leu Ala

50 55 60

cag aga gga gct cga gta tat tta gct tgc cgg gat gtg gaa aag ggg 303
 Gln Arg Gly Ala Arg Val Tyr Leu Ala Cys Arg Asp Val Glu Lys Gly

65 70 75

gaa ttg gtg gcc aaa gag atc cag acc acg aca ggg aac cag cag gtg	351
Glu Leu Val Ala Lys Glu Ile Gln Thr Thr Thr Gly Asn Gln Gln Val	
80 85 90	
ttg gtg cgg aaa ctg gac ctg tct gat act aag tct att cga gct ttt	399
Leu Val Arg Lys Leu Asp Leu Ser Asp Thr Lys Ser Ile Arg Ala Phe	
95 100 105 110	
gct aag ggc ttc tta gct gag gaa aag cac ctc cac gtt ttg atc aac	447
Ala Lys Gly Phe Leu Ala Glu Glu Lys His Leu His Val Leu Ile Asn	
115 120 125	
aat gca gga gtg atg atg tgt ccg tac tcg aag aca gca gat ggc ttt	495
Asn Ala Gly Val Met Met Cys Pro Tyr Ser Lys Thr Ala Asp Gly Phe	
130 135 140	
gag atg cac ata gga gtc aac cac ttg ggt cac ttc ctc cta acc cat	543
Glu Met His Ile Gly Val Asn His Leu Gly His Phe Leu Leu Thr His	
145 150 155	
ctg ctg cta gag aaa cta aag gaa tca gcc cca tca agg ata gta aat	591
Leu Leu Leu Glu Lys Leu Lys Glu Ser Ala Pro Ser Arg Ile Val Asn	
160 165 170	
gtg tct tcc ctc gca cat cac ctg gga agg atc cac ttc cat aac ctg	639
Val Ser Ser Leu Ala His His Leu Gly Arg Ile His Phe His Asn Leu	
175 180 185 190	
cag ggc gag aaa ttc tac aat gca ggc ctg gcc tac tgt cac agc aag	687
Gln Gly Glu Lys Phe Tyr Asn Ala Gly Leu Ala Tyr Cys His Ser Lys	
195 200 205	
cta gcc aac atc ctc ttc acc cag gaa ctg gcc cgg aga cta aaa ggc	735
Leu Ala Asn Ile Leu Phe Thr Gln Glu Leu Ala Arg Arg Leu Lys Gly	
210 215 220	
tct ggc gtt acg acg tat tct gta cac cct ggc aca gtc caa tct gaa	783
Ser Gly Val Thr Thr Tyr Ser Val His Pro Gly Thr Val Gln Ser Glu	

225	230	235	
ctg gtt cgg cac tca tct ttc atg aga tgg atg tgg tgg ctt ttc tcc			831
Leu Val Arg His Ser Ser Phe Met Arg Trp Met Trp Trp Leu Phe Ser			
240	245	250	
ttt ttc atc aag act cct cag cag gga gcc cag acc agc ctg cac tgt			879
Phe Phe Ile Lys Thr Pro Gln Gln Gly Ala Gln Thr Ser Leu His Cys			
255	260	265	270
gcc tta aca gaa ggt ctt gag att cta agt ggg aat cat ttc agt gac			927
Ala Leu Thr Glu Gly Leu Glu Ile Leu Ser Gly Asn His Phe Ser Asp			
275	280	285	
tgt cat gtg gca tgg gtc tct gcc caa gct cgt aat gag act ata gca			975
Cys His Val Ala Trp Val Ser Ala Gln Ala Arg Asn Glu Thr Ile Ala			
290	295	300	
agg cgg ctg tgg gac gtc agt tgt gac ctg ctg ggc ctc cca ata gac			1023
Arg Arg Leu Trp Asp Val Ser Cys Asp Leu Leu Gly Leu Pro Ile Asp			
305	310	315	
taacagg cagtgccagt tggaccaag agaagactgc agcagactac acagtacttc			1080
ttgtcaaaat gattctcctt caaggttttc aaaaccttta gcacaaagag agcaaaacct			1140
tccagccttg cctgcttggt gtccagttaa aactcagtgt actgccagat tctgtctaaat			1200
gtctgtcatg tccagattta ctttgcttct gttactgcca gagttactag agatatcata			1260
ataggataag aagacctca tatgacctgc acagctcatt ttccttctga aagaaactac			1320
tacctaggag aatctaagct atagcaggga tgatttatgc aaatttgaac tagcttcttt			1380
gttcacaatt cagttcctcc caaccaacca gtcttcactt caagagggcc aacttgcaac			1440
ctcagcttaa catgaataac aaagactggc tcaggagcag ggcttgccca ggcatggtgg			1500
atcaccggag gtcagtagtt caagaccagc ctggccaaca tggtgaaacc ccacctctac			1560
taaaaattgt gtatatcttt gtgtgtcttc ctgtttatgt gtgccaaggg agtattttca			1620
caaagttcaa aacagccaca ataatacagag atggagcaaa ccagtgccat ccagtcctta			1680
tgcaaatgaa atgctgcaaa gggaagcaga ttctgtatat gttggtaact accaccaag			1740
agcacaatggg tagcaggga gaagtaaaaa aagagaagga gaatactgga agataatgca			1800

caaaatgaag ggactagtta aggattaact agccctttaa ggattaacta gttaaggatt 1860
aatagcaaaa gatattaaat atgctaacat agctatggag gaattgaggg caagcaccca 1920
ggactgatga ggtcttaaca aaaaccagtg tggcaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1980
aaaaaaaaatcc taaaaacaaa caaacaaaaa aaacaattct tcattcagaa aaattatctt 2040
agggactgat attggttaatt atgggtcaatt taataatatt ttggggcatt tccttacatt 2100
gtcttgacaa gattaaaatg tctgtgccaa aattttgtat tttatttga gacttcttat 2160
caaaagtaat gctgccaaag gaagtctaag gaattagtag tgttcccatc acttgtttgg 2220
agtgtgctat tctaaaagat ttgatttcc tggaatgaca attatatttt aactttggtg 2280
ggggaaagag ttataggacc acagtcttca ctctgatac ttgtaaatta atcttttatt 2340
gcacttgttt tgaccattaa gctatatgtt tagaaatggt cattttacgg aaaaattaga 2400
aaaattctga taatagtga gaataaatga attaatgttt tacttaattt atattgaact 2460
gtcaatgaca aataaaaatt ctttttgatt 2490

【0079】

<210> 23

<211> 1465

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (84)...(332)

<400> 23

gaaggcgccg gccgtggagg cgccacgtcc ctctcggcgg cgggagagaa atcgcttgga 60

cttcggggcg gcctcgacg gcc atg gcc ttt acc ctg tac tca ctg ctg 110

Met Ala Phe Thr Leu Tyr Ser Leu Leu

1

5

cag gca gcc ctg ctc tgc gtc aac gcc atc gca gtg ctg cac gag gag 158

Gln Ala Ala Leu Leu Cys Val Asn Ala Ile Ala Val Leu His Glu Glu

10

15

20

25

cga ttc ctc aag aac att ggc tgg gga aca gac cag gga att ggt gga	206
Arg Phe Leu Lys Asn Ile Gly Trp Gly Thr Asp Gln Gly Ile Gly Gly	
30 35 40	
ttt gga gaa gag ccg gga att aaa tca cag cta atg aac ctt att cga	254
Phe Gly Glu Glu Pro Gly Ile Lys Ser Gln Leu Met Asn Leu Ile Arg	
45 50 55	
tct gta aga acc gtg atg aga gtg cca ttg ata ata gta aac tca att	302
Ser Val Arg Thr Val Met Arg Val Pro Leu Ile Ile Val Asn Ser Ile	
60 65 70	
gca att gtg tta ctt tta tta ttt gga tgaatcag tggagaaaat g	350
Ala Ile Val Leu Leu Leu Leu Phe Gly	
75 80	
gagactcaga agaggacatg ccagtagaag ttattacttt ggtcattatt ggaatattta	410
tatcttagct ggctgacctt gcacttgtaaaa gctgaaaata aaaccagggt	470
ttctatttat ctgttttttt ttttaattgtt gcacttgtag ttccattaca aaagatcaga	530
tcatgaaagg cagtaactct ccaggactgg aatatctgat tgctcagtgt taatagtagt	590
tcatgctgtg gtgagattgt taaaagggtg caagactgtt gcttctcttt ttttagatat	650
ttttctatct ctcacttctc agggatgaaa ttctttttca aagttttgaa gttccttgca	710
acttagccat gatgtgagtg gttatcccta gataaaatta aaaggatttt taaaaagtaa	770
ttactgcaca taaaatgata aataggtaat ttgaataatt ttattttaag ctccttggtt	830
aattattttg tctattgtct cagctataaa ttcaaattha tacatactat tgagtattaa	890
tattctctga tticagggag aattctgtca gtcacatgat gattatgttt ttgtttaaca	950
ttctttccat gcacttgta ttttattaat ttgcctgaat gatgagacca gaccagtgtc	1010
tacagatttt cattgtcaga aaaatctata agtctgccct tttacaatg atgatttaaa	1070
aaaaacaaca gcgtaaatat tagcccacaa gagcagtcct aaacaatcac aattacactg	1130
tactacccaa gaagactggt tattgtgaag catttacctt tcaaaaaatc attacatttc	1190
tatttcttgg tggagcagca cattgtggag tlgattctt aattcttcat tgagtttgtc	1250
aataggacat tgatgttgga taggttgtct ttgtttttta tgtctcagac catcttgtga	1310
gattgtttgc ctatctcata atacagtitt atgcagaaaag gttgaaacta tgtaaattggt	1370

ttttatggaa attatcagtt acaatatttt aaagggttag aatggcatct ttgtttatag 1430
gagaacattt gtaaataaag ttaaatttct aagtc 1465

【0080】

<210> 24

<211> 917

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (32)...(775)

<400> 24

tctctgcac cttcccgacc ttcccagcaa t atg cat ctt gca cgt ctg gtc 52

Met His Leu Ala Arg Leu Val

1

5

ggc tcc tgc tcc ctc ctt ctg cta ctg ggg gcc ctg tct gga tgg gcg 100

Gly Ser Cys Ser Leu Leu Leu Leu Leu Gly Ala Leu Ser Gly Trp Ala

10

15

20

gcc agc gat gac ccc att gag aag gtc att gaa ggg atc aac cga ggg 148

Ala Ser Asp Asp Pro Ile Glu Lys Val Ile Glu Gly Ile Asn Arg Gly

25

30

35

ctg agc aat gca gag aga gag gtg ggc aag gcc ctg gat ggc atc aac 196

Leu Ser Asn Ala Glu Arg Glu Val Gly Lys Ala Leu Asp Gly Ile Asn

40

45

50

55

agt gga atc acg cat gcc gga agg gaa gtg gag aag gtt ttc aac gga 244

Ser Gly Ile Thr His Ala Gly Arg Glu Val Glu Lys Val Phe Asn Gly

60

65

70

ctt agc aac atg ggg agc cac acc ggc aag gag ttg gac aaa ggc gtc 292

Leu Ser Asn Met Gly Ser His Thr Gly Lys Glu Leu Asp Lys Gly Val

75	80	85	
cag ggg ctc aac cac ggc atg gac aag gtt gcc cat gag atc aac cat			340
Gln Gly Leu Asn His Gly Met Asp Lys Val Ala His Glu Ile Asn His			
90	95	100	
ggt att gga caa gca gga aag gaa gca gag aag ctt ggc cat ggg gtc			388
Gly Ile Gly Gln Ala Gly Lys Glu Ala Glu Lys Leu Gly His Gly Val			
105	110	115	
aac aac gct gct gga cag gcc ggg aag gaa gca gac aaa gcg gtc caa			436
Asn Asn Ala Ala Gly Gln Ala Gly Lys Glu Ala Asp Lys Ala Val Gln			
120	125	130	135
ggg ttc cac act ggg gtc cac cag gct ggg aag gaa gca gag aaa ctt			484
Gly Phe His Thr Gly Val His Gln Ala Gly Lys Glu Ala Glu Lys Leu			
140	145	150	
ggc caa ggg gtc aac cat gct gct gac cag gct gga aag gaa gtg gag			532
Gly Gln Gly Val Asn His Ala Ala Asp Gln Ala Gly Lys Glu Val Glu			
155	160	165	
aag ctt ggc caa ggt gcc cac cat gct gct ggc cag gcc ggg aag gag			580
Lys Leu Gly Gln Gly Ala His His Ala Ala Gly Gln Ala Gly Lys Glu			
170	175	180	
ctg cag aat gct cat aat ggg gtc aac caa gcc agc aag gag gcc aac			628
Leu Gln Asn Ala His Asn Gly Val Asn Gln Ala Ser Lys Glu Ala Asn			
185	190	195	
cag ctg ctg aat ggc aac cat caa agc gga tct tcc agc cat caa gga			676
Gln Leu Leu Asn Gly Asn His Gln Ser Gly Ser Ser Ser His Gln Gly			
200	205	210	215
ggg gcc aca acc acg ccg tta gcc tct ggg gcc tcg gtc aac acg cct			724
Gly Ala Thr Thr Thr Pro Leu Ala Ser Gly Ala Ser Val Asn Thr Pro			
220	225	230	
ttc atc aac ctt ccc gcc ctg tgg agg agc gtc gcc aac atc atg ccc			772

Phe Ile Asn Leu Pro Ala Leu Trp Arg Ser Val Ala Asn Ile Met Pro

235

240

245

taaactgg catccggcct tgctgggaga ataatgtcgc cgttgtcaca tcagctgaca 830

tgacctggag gggttggggg tgggggacag gtttctgaaa tccctgaagg gggttgtact 890

gggatttgatg aataaacttg atacact 917

【0081】

<210> 25

<211> 1306

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (74)...(694)

<400> 25

gaaggaccaa aggcgaccgg tgcaggtgca cgacgccagc tcccttctgg ggggccgggg 60

cctggggggtt gcc atg gcc ccc agc cac ctg tca gtg cgg gag atg agg 109

Met Ala Pro Ser His Leu Ser Val Arg Glu Met Arg

1

5

10

gaa gat gag aag ccc ctg gtg ctg gag atg ctg aag gcc ggc gtg aag 157

Glu Asp Glu Lys Pro Leu Val Leu Glu Met Leu Lys Ala Gly Val Lys

15

20

25

gac acg gaa aac cgc gtg gcc ctc cat gcc ttg aca cgg ccg ccg gcc 205

Asp Thr Glu Asn Arg Val Ala Leu His Ala Leu Thr Arg Pro Pro Ala

30

35

40

ctg ctc ctc ctg gcg gcg gcc agc agc ggc ctg cgc ttt gtc ctg gct 253

Leu Leu Leu Leu Ala Ala Ala Ser Ser Gly Leu Arg Phe Val Leu Ala

45

50

55

60

tcc ttc gcc ctg gcc ctc ctc ctg ccg gtg ttc ctg gct gtg gcc gcc 301

Ser Phe Ala Leu Ala Leu Leu Leu Pro Val Phe Leu Ala Val Ala Ala
65 70 75
gtg aag ctg ggc ctg cgg gcc cga tgg ggc tcg ctg cct ccg ccg ggt 349
Val Lys Leu Gly Leu Arg Ala Arg Trp Gly Ser Leu Pro Pro Pro Gly
80 85 90
ggc ctg ggg ggc ccc tgg gtg gcc gtg cgg ggc tcc ggt gac gtg tgt 397
Gly Leu Gly Gly Pro Trp Val Ala Val Arg Gly Ser Gly Asp Val Cys
95 100 105
ggg gtc ctg gct ctg gcc cct ggc aca aat gca ggg gac ggg gcc cgg 445
Gly Val Leu Ala Leu Ala Pro Gly Thr Asn Ala Gly Asp Gly Ala Arg
110 115 120
gtc acc cgc ctg tct gtc tct cgc tgg cac cgc cgc cgg ggc gtg ggc 493
Val Thr Arg Leu Ser Val Ser Arg Trp His Arg Arg Arg Gly Val Gly
125 130 135 140
agg agg ctg ctg gcc ttc gcg gag gcc cgg gct cgg gcc tgg gct ggg 541
Arg Arg Leu Leu Ala Phe Ala Glu Ala Arg Ala Arg Ala Trp Ala Gly
145 150 155
ggc atg ggg gag ccc cgg gcc cgg ctc gtg gtc ccc gtg gct gtg gcc 589
Gly Met Gly Glu Pro Arg Ala Arg Leu Val Val Pro Val Ala Val Ala
160 165 170
gcc tgg ggg gtg gga ggg atg ctg gag ggc tgt ggc tac cag gcc gag 637
Ala Trp Gly Val Gly Gly Met Leu Glu Gly Cys Gly Tyr Gln Ala Glu
175 180 185
ggg ggc tgg ggc tgc ctg ggc tac acg ctg gtg agg gaa ttc agc aaa 685
Gly Gly Trp Gly Cys Leu Gly Tyr Thr Leu Val Arg Glu Phe Ser Lys
190 195 200
gac ctg tgaagctaca gactgacagc cagggcaggg gaggagggag gggcgccag 740
Asp Leu
205

cacctgatga tcgcctactg tctgcgggtt cttttacctg ctctccctca gtgagtcctc 800
aaccaccctg ggcccagaaa cagaggcctg ccgaggggag gagcctggcc tctgtccacc 860
cgtcagcagt gtgaagtctg ttgtgtttga gcttctcaga gtggaatgac tccttttcct 920
tcctggccct cgggggcctc tcgaggtcag cctctccaac ccctacctca gctcctgtct 980
gcactgagaa acctccccgg gtgatgtctg caaagtctgt gctgtccgtg ccccaggctg 1040
ggagagctat ctggggaggg ggagaggagg ccgagcagaa tacacccag agttagggtt 1100
tgcgactccg cctccctggg acctggattg ggtcagatgc ctgtccttgg aggggacaag 1160
gttgactgct taggaggcgc gacgcacagg gctgccaggc ctggcccctc tctgggaagg 1220
ttgagagctg agacgggcag cctgtccct tcctccagat ccgtctggtt ttttacaccg 1280
tttgtaata aagcctgaaa ccgctt 1306

[0082]

<210> 26
<211> 2022
<212> DNA
<213> Homo sapience
<220>
<221> CDS
<222> (118)...(1416)
<400> 26

cttccgctgg ccgctggctc gctggccgct cctggaggcg gcggcgggag cgcagggggc 60
gcgcggcccg gggactcgca ttccccggtt cccctccac cccacgcggc ctggacc 117
atg gac gcc aga tgg tgg gca gtg gtg gtg ctg gct gcg ttc ccc tcc 165
Met Asp Ala Arg Trp Trp Ala Val Val Val Leu Ala Ala Phe Pro Ser
1 5 10 15
cta ggg gca ggt ggg gag act ccc gaa gcc cct ccg gag tca tgg acc 213
Leu Gly Ala Gly Gly Glu Thr Pro Glu Ala Pro Pro Glu Ser Trp Thr
20 25 30
cag cta tgg ttc ttc cga ttt gtg gtg aat gct gct ggc tat gcc agc 261

Gln Leu Trp Phe Phe Arg Phe Val Val Asn Ala Ala Gly Tyr Ala Ser	
35 40 45	
ttt atg gta cct ggc tac ctc ctg gtg cag tac ttc agg cgg aag aac	309
Phe Met Val Pro Gly Tyr Leu Leu Val Gln Tyr Phe Arg Arg Lys Asn	
50 55 60	
tac ctg gag acc ggt agg ggc ctc tgc ttt ccc ctg gtg aaa gct tgt	357
Tyr Leu Glu Thr Gly Arg Gly Leu Cys Phe Pro Leu Val Lys Ala Cys	
65 70 75 80	
gtg ttt ggc aat gag ccc aag gcc tct gat gag gtt ccc ctg gcg ccc	405
Val Phe Gly Asn Glu Pro Lys Ala Ser Asp Glu Val Pro Leu Ala Pro	
85 90 95	
cga aca gag gcg gca gag acc acc ccg atg tgg cag gcc ctg aag ctg	453
Arg Thr Glu Ala Ala Glu Thr Thr Pro Met Trp Gln Ala Leu Lys Leu	
100 105 110	
ctc ttc tgt gcc aca ggg ctc cag gtg tct tat ctg act tgg ggt gtg	501
Leu Phe Cys Ala Thr Gly Leu Gln Val Ser Tyr Leu Thr Trp Gly Val	
115 120 125	
ctg cag gaa aga gtg atg acc cgc agc tat ggg gcc aca gcc aca tca	549
Leu Gln Glu Arg Val Met Thr Arg Ser Tyr Gly Ala Thr Ala Thr Ser	
130 135 140	
ccg ggt gag cgc ttt acg gac tcg cag ttc ctg gtg cta atg aac cga	597
Pro Gly Glu Arg Phe Thr Asp Ser Gln Phe Leu Val Leu Met Asn Arg	
145 150 155 160	
gtg ctg gca ctg att gtg gct ggc ctc tcc tgt gtt ctc tgc aag cag	645
Val Leu Ala Leu Ile Val Ala Gly Leu Ser Cys Val Leu Cys Lys Gln	
165 170 175	
ccc cgg cat ggg gca ccc atg tac cgg tac tcc ttt gcc agc ctg tcc	693
Pro Arg His Gly Ala Pro Met Tyr Arg Tyr Ser Phe Ala Ser Leu Ser	
180 185 190	

aat gtg ctt agc agc tgg tgc caa tac gaa gct ctt aag ttc gtc agc	741
Asn Val Leu Ser Ser Trp Cys Gln Tyr Glu Ala Leu Lys Phe Val Ser	
195 200 205	
ttc ccc acc cag gtg ctg gcc aag gcc tct aag gtg atc cct gtc atg	789
Phe Pro Thr Gln Val Leu Ala Lys Ala Ser Lys Val Ile Pro Val Met	
210 215 220	
ctg atg gga aag ctt gtg tct cgg cgc agc tac gaa cac tgg gag tac	837
Leu Met Gly Lys Leu Val Ser Arg Arg Ser Tyr Glu His Trp Glu Tyr	
225 230 235 240	
ctg aca gcc aca ctc atc tcc att ggg gtc agc atg ttt ctg cta tcc	885
Leu Thr Ala Thr Leu Ile Ser Ile Gly Val Ser Met Phe Leu Leu Ser	
245 250 255	
agc gga cca gag ccc cgc agc tcc cca gcc acc aca ctc tca ggc ctc	933
Ser Gly Pro Glu Pro Arg Ser Ser Pro Ala Thr Thr Leu Ser Gly Leu	
260 265 270	
atc tta ctg gca ggt tat att gct ttt gac agc ttc acc tca aac tgg	981
Ile Leu Leu Ala Gly Tyr Ile Ala Phe Asp Ser Phe Thr Ser Asn Trp	
275 280 285	
cag gat gcc ctg ttt gcc tat aag atg tca tcg gtg cag atg atg ttt	1029
Gln Asp Ala Leu Phe Ala Tyr Lys Met Ser Ser Val Gln Met Met Phe	
290 295 300	
ggg gtc aat ttc ttc tcc tgc ctc ttc aca gtg ggc tca ctg cta gaa	1077
Gly Val Asn Phe Phe Ser Cys Leu Phe Thr Val Gly Ser Leu Leu Glu	
305 310 315 320	
cag ggg gcc cta ctg gag gga acc cgc ttc atg ggg cga cac agt gag	1125
Gln Gly Ala Leu Leu Glu Gly Thr Arg Phe Met Gly Arg His Ser Glu	
325 330 335	
ttt gct gcc cat gcc ctg cta ctc tcc atc tgc tcc gca tgt ggc cag	1173
Phe Ala Ala His Ala Leu Leu Leu Ser Ile Cys Ser Ala Cys Gly Gln	

340	345	350	
ctc ttc atc ttt tac acc att ggg cag ttt ggg gct gcc gtc ttc acc			1221
Leu Phe Ile Phe Tyr Thr Ile Gly Gln Phe Gly Ala Ala Val Phe Thr			
355	360	365	
atc atc atg acc ctc cgc cag gcc ttt gcc atc ctt ctt tcc tgc ctt			1269
Ile Ile Met Thr Leu Arg Gln Ala Phe Ala Ile Leu Leu Ser Cys Leu			
370	375	380	
ctc tat ggc cac act gtc act gtg gtg gga ggg ctg ggg gtg gct gtg			1317
Leu Tyr Gly His Thr Val Thr Val Val Gly Gly Leu Gly Val Ala Val			
385	390	395	400
gtc ttt gct gcc ctc ctg ctc aga gtc tac gcg cgg ggc cgt cta aag			1365
Val Phe Ala Ala Leu Leu Leu Arg Val Tyr Ala Arg Gly Arg Leu Lys			
405	410	415	
caa cgg gga aag aag gct gtg cct gtt gag tct cct gtg cag aag gtt			1413
Gln Arg Gly Lys Lys Ala Val Pro Val Glu Ser Pro Val Gln Lys Val			
420	425	430	
tgagggt ggaaagggcc tgagggtga agtgaaatag gaccctccca ccatccctt			1470
ctgctgtaac ctctgaggga gctggctgaa agggcaaaat gcagggtgtt tctcagtatc			1530
acagaccagc tctgcagcag gggattgggg agcccaggag gcagccttcc cttttgcctt			1590
aagtcacca tcttcagta agcagtttat tctgagcccc gggggtagac agtcctcagt			1650
gaggggtttt ggggagtttg gggtaagag agcataggta ggttccacag ttactcttcc			1710
cacaagticc cttaagtctt gccctagctg tgctctgcca cttccagac tcaactccct			1770
ctgcaaatac ctgcatttct taccctggtg agaaaagcac aagcggtgta ggctccaatg			1830
ctgctttccc aggagggtga agatggtgct gtgctgagga aaggggatgc agagccctgc			1890
ccagcaccac cactcctat gctcctggat ccctaggctc tgttccatga gcctgttgca			1950
ggtttttgta ctttagaaat gtaacttttt gctcttataa ttttatitta ttaaattaaa			2010
ttactgcagt gg			2022

[0083]

<210> 27

<211> 1227

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (75)...(995)

<400> 27

aaagacttcc tgcgatgaga acagaggcac aggtgccggc cctgcagccc ccagaacctg 60

gactgtaggg ggcc atg ggg cac cgg acc ctg gtc ctg ccc tgg gtg ctg 110

Met Gly His Arg Thr Leu Val Leu Pro Trp Val Leu

1

5

10

ctg acc ttg tgt gtc act gcg ggg acc ccg gag gtg tgg gtt caa gtt 158

Leu Thr Leu Cys Val Thr Ala Gly Thr Pro Glu Val Trp Val Gln Val

15

20

25

cgg atg gag gcc acc gag ctc tcg tcc ttc acc atc cgt tgt ggg ttc 206

Arg Met Glu Ala Thr Glu Leu Ser Ser Phe Thr Ile Arg Cys Gly Phe

30

35

40

ctg ggg tct ggc tcc atc tcc ctg gtg act gtg agc tgg ggg ggc ccc 254

Leu Gly Ser Gly Ser Ile Ser Leu Val Thr Val Ser Trp Gly Gly Pro

45

50

55

60

gac ggt gct ggg ggg acc acg ctg gct gtg ttg cac cca gaa cgt ggc 302

Asp Gly Ala Gly Gly Thr Thr Leu Ala Val Leu His Pro Glu Arg Gly

65

70

75

atc cgg caa tgg gcc cct gct cgc cag gcc cgc tgg gaa acc cag agc 350

Ile Arg Gln Trp Ala Pro Ala Arg Gln Ala Arg Trp Glu Thr Gln Ser

80

85

90

agc atc tct ctc atc ctg gaa ggc tct ggg gcc agc agc ccc tgc gcc 398

Ser Ile Ser Leu Ile Leu Glu Gly Ser Gly Ala Ser Ser Pro Cys Ala

95	100	105	
aac acc acc ttc tgc tgc aag ttt gcg tcc ttc cct gag ggc tcc tgg			446
Asn Thr Thr Phe Cys Cys Lys Phe Ala Ser Phe Pro Glu Gly Ser Trp			
110	115	120	
gag gcc tgt ggg agc ctc ccg ccc agc tca gac cca ggg ctc tct gcc			494
Glu Ala Cys Gly Ser Leu Pro Pro Ser Ser Asp Pro Gly Leu Ser Ala			
125	130	135	140
ccg ccg act cct gcc ccc att ctg cgg gca gac ctg gcc ggg atc ttg			542
Pro Pro Thr Pro Ala Pro Ile Leu Arg Ala Asp Leu Ala Gly Ile Leu			
	145	150	155
ggg gtc tca gga gtc ctc ctc ttt ggc tgt gtc tac ctc ctt cat ctg			590
Gly Val Ser Gly Val Leu Leu Phe Gly Cys Val Tyr Leu Leu His Leu			
	160	165	170
ctg cgc cga cat aag cac cgc cct gcc cct agg ctc cag ccg tcc cgc			638
Leu Arg Arg His Lys His Arg Pro Ala Pro Arg Leu Gln Pro Ser Arg			
	175	180	185
acc agc ccc cag gca ccg aga gca cga gca tgg gca cca agc cag gcc			686
Thr Ser Pro Gln Ala Pro Arg Ala Arg Ala Trp Ala Pro Ser Gln Ala			
	190	195	200
tcc cag gct gct ctt cac gtc cct tat gcc act atc aac acc agc tgc			734
Ser Gln Ala Ala Leu His Val Pro Tyr Ala Thr Ile Asn Thr Ser Cys			
205	210	215	220
cgc cca gct act ttg gac aca gct cac ccc cat ggg ggg ccg tcc tgg			782
Arg Pro Ala Thr Leu Asp Thr Ala His Pro His Gly Gly Pro Ser Trp			
	225	230	235
tgg gcg tca ctc ccc acc cac gct gca cac cgg ccc cag ggc cct gcc			830
Trp Ala Ser Leu Pro Thr His Ala Ala His Arg Pro Gln Gly Pro Ala			
	240	245	250
gcc tgg gcc tcc aca ccc atc cct gca cgt ggc agc ttt gtc tct gtt			878

Ala Trp Ala Ser Thr Pro Ile Pro Ala Arg Gly Ser Phe Val Ser Val	
255	260
265	
gag aat gga ctc tac gct cag gca ggg gag agg cct cct cac act ggt	926
Glu Asn Gly Leu Tyr Ala Gln Ala Gly Glu Arg Pro Pro His Thr Gly	
270	275
280	
ccc ggc ctc act ctt ttc cct gac cct cgg ggg ccc agg gcc atg gaa	974
Pro Gly Leu Thr Leu Phe Pro Asp Pro Arg Gly Pro Arg Ala Met Glu	
285	290
295	300
gga ccc tta gga gtt cga tgagagagac catgaggcca ctgggctt	1020
Gly Pro Leu Gly Val Arg	
305	
tccccctccc aggcctcctg ggtgtcaccc ccttacttta attcttgggc ctccaataag	1080
tgatcccatag gtgtctggcc agggccacct gctgcggatg tggctgtgtg gcgtgtgtgg	1140
gcacaggtgt gagtgtgtga gtgacagtta cccatttca gtcatttcct gctgcaacta	1200
agtcagcaac acagtttctc tgatgtc	1227

【0084】

<210> 28

<211> 2210

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (204)...(1871)

<400> 28

aggggacgcg aggcggagcg gggccccaca caggccgcgg cggctggctc gggcccctac	60
ggtcccggcg gcggctggag gaggaagcca ggcggctggc ggaggaggag agacggagga	120
ggccgagacc ggagcgccgc tcgccgcaga cttacttccc cggctcagca gggaaaggtt	180
cctagaaggt gagcgcgac ggt atg caa agt tgt gaa tcc agt ggt gac agt	233

Met Gln Ser Cys Glu Ser Ser Gly Asp Ser																			
1						5						10							
gcg	gat	gac	cct	ctc	agt	cgc	ggc	cta	cgg	aga	agg	gga	cag	cct	cgt	281			
Ala	Asp	Asp	Pro	Leu	Ser	Arg	Gly	Leu	Arg	Arg	Arg	Gly	Gln	Pro	Arg				
15						20						25							
gtg	gtg	gtg	atc	ggc	gcc	ggc	ttg	gct	ggc	ctg	gct	gca	gcc	aaa	gca	329			
Val	Val	Val	Ile	Gly	Ala	Gly	Leu	Ala	Gly	Leu	Ala	Ala	Ala	Lys	Ala				
30						35						40							
ctt	ctt	gag	cag	ggt	ttc	acg	gat	gtc	act	gtg	ctt	gag	gct	tcc	agc	377			
Leu	Leu	Glu	Gln	Gly	Phe	Thr	Asp	Val	Thr	Val	Leu	Glu	Ala	Ser	Ser				
45						50						55							
cac	atc	gga	ggc	cgt	gtg	cag	agt	gtg	aaa	ctt	gga	cac	gcc	acc	ttt	425			
His	Ile	Gly	Gly	Arg	Val	Gln	Ser	Val	Lys	Leu	Gly	His	Ala	Thr	Phe				
60						65						70							
gag	ctg	gga	gcc	acc	tgg	atc	cat	ggc	tcc	cat	ggg	aac	cct	atc	tat	473			
Glu	Leu	Gly	Ala	Thr	Trp	Ile	His	Gly	Ser	His	Gly	Asn	Pro	Ile	Tyr				
75						80						85						90	
cat	cta	gca	gaa	gcc	aac	ggc	ctc	ctg	gaa	gag	aca	acc	gat	ggg	gaa	521			
His	Leu	Ala	Glu	Ala	Asn	Gly	Leu	Leu	Glu	Glu	Thr	Thr	Asp	Gly	Glu				
95						100						105							
cgc	agc	gtg	ggc	cgc	atc	agc	ctc	tat	tcc	aag	aat	ggc	gtg	gcc	tgc	569			
Arg	Ser	Val	Gly	Arg	Ile	Ser	Leu	Tyr	Ser	Lys	Asn	Gly	Val	Ala	Cys				
110						115						120							
tac	ctt	acc	aac	cac	ggc	cgc	agg	atc	ccc	aag	gac	gtg	gtt	gag	gaa	617			
Tyr	Leu	Thr	Asn	His	Gly	Arg	Arg	Ile	Pro	Lys	Asp	Val	Val	Glu	Glu				
125						130						135							
ttc	agc	gat	tta	tac	aac	gag	gtc	tat	aac	ttg	acc	cag	gag	ttc	ttc	665			
Phe	Ser	Asp	Leu	Tyr	Asn	Glu	Val	Tyr	Asn	Leu	Thr	Gln	Glu	Phe	Phe				
140						145						150							

cgg cac gat aaa cca gtc aat gct gaa agt caa aat agc gtg ggg gtg	713
Arg His Asp Lys Pro Val Asn Ala Glu Ser Gln Asn Ser Val Gly Val	
155 160 165 170	
ttc acc cga gag gag gtg cgt aac cgc atc agg aat gac cct gac gac	761
Phe Thr Arg Glu Glu Val Arg Asn Arg Ile Arg Asn Asp Pro Asp Asp	
175 180 185	
cca gag gct acc aag cgc ctg aag ctc gcc atg atc cag cag tac ctg	809
Pro Glu Ala Thr Lys Arg Leu Lys Leu Ala Met Ile Gln Gln Tyr Leu	
190 195 200	
aag gtg gag agc tgt gag agc agc tca cac agc atg gac gag gtg tcc	857
Lys Val Glu Ser Cys Glu Ser Ser Ser His Ser Met Asp Glu Val Ser	
205 210 215	
ctg agc gcc ttc ggg gag tgg acc gag atc ccc ggc gct cac cac atc	905
Leu Ser Ala Phe Gly Glu Trp Thr Glu Ile Pro Gly Ala His His Ile	
220 225 230	
atc ccc tcg ggc ttc atg cgg gtt gtg gag ctg ctg gcg gag ggc atc	953
Ile Pro Ser Gly Phe Met Arg Val Val Glu Leu Leu Ala Glu Gly Ile	
235 240 245 250	
cct gcc cac gtc atc cag cta ggg aaa cct gtc cgc tgc att cac tgg	1001
Pro Ala His Val Ile Gln Leu Gly Lys Pro Val Arg Cys Ile His Trp	
255 260 265	
gac cag gcc tca gcc cgc ccc aga ggc cct gag att gag ccc cgg ggt	1049
Asp Gln Ala Ser Ala Arg Pro Arg Gly Pro Glu Ile Glu Pro Arg Gly	
270 275 280	
gag ggc gac cac aat cac gac act ggg gag ggt ggc cag ggt gga gag	1097
Glu Gly Asp His Asn His Asp Thr Gly Glu Gly Gly Gln Gly Gly Glu	
285 290 295	
gag ccc cgg ggg ggc agg tgg gat gag gat gag cag tgg tcg gtg gtg	1145
Glu Pro Arg Gly Gly Arg Trp Asp Glu Asp Glu Gln Trp Ser Val Val	

300	305	310	
gtg gag tgc gag gac tgt gag ctg atc ccg gcg gac cat gtg att gtg			1193
Val Glu Cys Glu Asp Cys Glu Leu Ile Pro Ala Asp His Val Ile Val			
315	320	325	330
acc gtg tcg cta ggt gtg cta aag agg cag tac acc agt ttc ttc cgg			1241
Thr Val Ser Leu Gly Val Leu Lys Arg Gln Tyr Thr Ser Phe Phe Arg			
335	340	345	
cca ggc ctg ccc aca gag aag gtg gct gcc atc cac cgc ctg ggc att			1289
Pro Gly Leu Pro Thr Glu Lys Val Ala Ala Ile His Arg Leu Gly Ile			
350	355	360	
ggc acc acc gac aag atc ttt ctg gaa ttc gag gag ccc ttc tgg ggc			1337
Gly Thr Thr Asp Lys Ile Phe Leu Glu Phe Glu Glu Pro Phe Trp Gly			
365	370	375	
cct gag tgc aac agc cta cag ttt gtg tgg gag gac gaa gcg gag agc			1385
Pro Glu Cys Asn Ser Leu Gln Phe Val Trp Glu Asp Glu Ala Glu Ser			
380	385	390	
cac acc ctc acc tac cca cct gag ctc tgg tac cgc aag atc tgc ggc			1433
His Thr Leu Thr Tyr Pro Pro Glu Leu Trp Tyr Arg Lys Ile Cys Gly			
395	400	405	410
ttt gat gtc ctc tac ccg cct gag cgc tac ggc cat gtg ctg agc ggc			1481
Phe Asp Val Leu Tyr Pro Pro Glu Arg Tyr Gly His Val Leu Ser Gly			
415	420	425	
tgg atc tgc ggg gag gag gcc ctc gtc atg gag aag tgt gat gac gag			1529
Trp Ile Cys Gly Glu Glu Ala Leu Val Met Glu Lys Cys Asp Asp Glu			
430	435	440	
gca gtg gcc gag atc tgc acg gag atg ctg cgt cag ttc aca ggg aac			1577
Ala Val Ala Glu Ile Cys Thr Glu Met Leu Arg Gln Phe Thr Gly Asn			
445	450	455	
ccc aac att cca aaa cct cgg cga atc ttg cgc tcg gcc tgg ggc agc			1625

Pro Asn Ile Pro Lys Pro Arg Arg Ile Leu Arg Ser Ala Trp Gly Ser	
460	465
aac cct tac ttc cgc ggc tcc tat tca tac acg cag gtg ggc tcc agc	1673
Asn Pro Tyr Phe Arg Gly Ser Tyr Ser Tyr Thr Gln Val Gly Ser Ser	
475	480
ggg gcg gat gtg gag aag ctg gcc aag ccc ctg ccg tac acg gag agc	1721
Gly Ala Asp Val Glu Lys Leu Ala Lys Pro Leu Pro Tyr Thr Glu Ser	
495	500
tca aag aca gcg ccc atg cag gtg ctg ttt tcc ggt gag gcc acc cac	1769
Ser Lys Thr Ala Pro Met Gln Val Leu Phe Ser Gly Glu Ala Thr His	
510	515
cgc aag tac tat tcc acc acc cac ggt gct ctg ctg tcc ggc cag cgt	1817
Arg Lys Tyr Tyr Ser Thr Thr His Gly Ala Leu Leu Ser Gly Gln Arg	
525	530
gag gct gcc cgc ctc att gag atg tac cga gac ctc ttc cag cag ggg	1865
Glu Ala Ala Arg Leu Ile Glu Met Tyr Arg Asp Leu Phe Gln Gln Gly	
540	545
acc tgagggtgt cctcgtgtgct gagaagagcc actaactcgt gacctccagc ct	1920
Thr	
555	
gccccttgct gccgtgtgct cctgccttcc tgatcctctg tagaaaggat ttttatcttc	1980
tgtagagcta gccgccctga ctgccttcag acctggccct gtagcttttc tttttctcca	2040
ggctgggccc tgagcaggtg ggccgttgag ttacctctgt gctggatccc gtgccccac	2100
ttgcctaccc tctgtcctgc cttgttattg taagtgcctt caatactttg cattttggga	2160
taataaaaaa ggctccctcc cctgcccctc agcttctctc tggttttctc	2210

[0085]

<210> 29

<211> 1493

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (93)...(845)

<400> 29

ctcaagctgg caggtggtcg ggggagCggc cggagaggag ctgccgggag ttcgtgccct	60
gcaggacatg acaccagtgg catatcacgg cc atg ggg tct cag cat tcc gct	113
Met Gly Ser Gln His Ser Ala	
1 5	
gct gct cgc ccc tcc tcc tgc agg cga aag caa gaa gat gac agg gac	161
Ala Ala Arg Pro Ser Ser Cys Arg Arg Lys Gln Glu Asp Asp Arg Asp	
10 15 20	
ggt ttg ctg gct gaa cga gag cag gaa gaa gcc att gct cag ttc cca	209
Gly Leu Leu Ala Glu Arg Glu Gln Glu Glu Ala Ile Ala Gln Phe Pro	
25 30 35	
tat gtg gaa ttc acc ggg aga gat agc atc acc tgt ctc acg tgc cag	257
Tyr Val Glu Phe Thr Gly Arg Asp Ser Ile Thr Cys Leu Thr Cys Gln	
40 45 50 55	
ggg aca ggc tac att cca aca gag caa gta aat gag ttg gtg gct ttg	305
Gly Thr Gly Tyr Ile Pro Thr Glu Gln Val Asn Glu Leu Val Ala Leu	
60 65 70	
atc cca cac agt gat cag aga ttg cgc cct cag cga act aag caa tat	353
Ile Pro His Ser Asp Gln Arg Leu Arg Pro Gln Arg Thr Lys Gln Tyr	
75 80 85	
gtc ctc ctg tcc atc ctg ctt tgt ctc ctg gca tct ggt ttg gtg gtt	401
Val Leu Leu Ser Ile Leu Leu Cys Leu Leu Ala Ser Gly Leu Val Val	
90 95 100	
ttc ttc ctg ttt ccg cat tca gtc ctt gtg gat gat gac ggc atc aaa	449

[illegible]

agcatatgtt cccaaggcct gagttctgga cctacccccca cgtgggtgtaa gcagaggagg 950
aattgggttca cttactccc agcaaaccatc ctccctgccac ttaggaggaa acacctccct 1010
atggtaccat ttatgtttct cagaaccagc agaatcagtg cctagcctgt gcccagcaaa 1070
tagttggcac tcaataaaga ttgcagaat ttaatacaga tcttttcagc tgttcttagg 1130
gcattataaa tggaaatcat aacgtgggtc taggttatca aaccatggag tgatgtggag 1190
ctaggattgt gagtgacctg caggccatta tcagtgccctc atctgtgcag aagtcgcagc 1250
agagaggggac catccaaata cctaagagaa aacagacctc gtcaggatat gaatttggtt 1310
cagctgttcc caaaggcctg ggagcttttt gaaaagaaag aaaaaagtgt gttggctttt 1370
ttttttttta gaaagttaga attgttttta ccaagagtct atgtggggct tgattcaccc 1430
ttcatccatt ggctggaaca tggattgggg atttgataga aaaataaacc ctgcttttga 1490
ttc 1493

【0086】

<210> 30

<211> 1264

<212> DNA

<213> Homo sapience

<220>

<221> CDS

<222> (26)...(550)

<400> 30

aatctacaag caccaggaag tcaag atg caa gca cca gcc ttc agg gac aag 52

Met Gln Ala Pro Ala Phe Arg Asp Lys

1

5

aaa cag ggg gtc tca gcc aag aat caa ggt gcc cat gac cca gac tat 100

Lys Gln Gly Val Ser Ala Lys Asn Gln Gly Ala His Asp Pro Asp Tyr

10

15

20

25

gag aat atc acc ttg gcc ttc aaa aat cag gac cat gca aag ggt ggt 148

Glu Asn Ile Thr Leu Ala Phe Lys Asn Gln Asp His Ala Lys Gly Gly

30	35	40	
cat tca cga ccc acg agc caa gtc cca gcc cag tgc agg ccg ccc tca			196
His Ser Arg Pro Thr Ser Gln Val Pro Ala Gln Cys Arg Pro Pro Ser			
45	50	55	
gac tcc acc cag gtc ccc tgc tgg ttg tac aga gcc atc ctg agc ctg			244
Asp Ser Thr Gln Val Pro Cys Trp Leu Tyr Arg Ala Ile Leu Ser Leu			
60	65	70	
tac atc ctc ctg gcc ctg gcc ttt gtc ctc tgc atc atc ctg tca gcc			292
Tyr Ile Leu Leu Ala Leu Ala Phe Val Leu Cys Ile Ile Leu Ser Ala			
75	80	85	
ttc atc atg gtg aag aat gct gag atg tcc aag gag ctg ctg ggc ttt			340
Phe Ile Met Val Lys Asn Ala Glu Met Ser Lys Glu Leu Leu Gly Phe			
90	95	100	105
aaa agg gag ctt tgg aat gtc tca aac tcc gta caa gca tgc gaa gag			388
Lys Arg Glu Leu Trp Asn Val Ser Asn Ser Val Gln Ala Cys Glu Glu			
110	115	120	
aga cag aag aga ggc tgg gat tcc gtt cag cag agc atc acc atg gtc			436
Arg Gln Lys Arg Gly Trp Asp Ser Val Gln Gln Ser Ile Thr Met Val			
125	130	135	
agg agc aag att gat aga tta gag acg aca tta gca ggc ata aaa aac			484
Arg Ser Lys Ile Asp Arg Leu Glu Thr Thr Leu Ala Gly Ile Lys Asn			
140	145	150	
att gac aca aag gta cag aaa atc ttg gag gtg ctg cag aaa atg cca			532
Ile Asp Thr Lys Val Gln Lys Ile Leu Glu Val Leu Gln Lys Met Pro			
155	160	165	
cag tcc tca cct caa taaatgagag gacattgtgg cagccaaagc cac			580
Gln Ser Ser Pro Gln			
170			
aacttgaag atggggctgc acctgccaac gaagacggga aatgaccccc cccccagcc			640

```

tagtgigaac ctgccccctcg tcccacgtat agaaaaacct cgagtcacatgg tgaatgagtg 700
tctcggagtt gctcgtgtgt gtgtacacct gcgtgcgtgt gtgtgcgtgt gtgcgcgtgt 760
gttcgtgtat gtgcgtgtgt gcgtgcgcgt gtgtgtgcat ttigcaaagg gtggacattt 820
cagtgatctt cccagaaagg tgatgaatga ataggactga gagtcacagt gaatgtggca 880
tgcatgcctg tgcacatgtga catatgtgag tctcggcatg tcacgggtggg tggctgtgtc 940
tgagcacctc cagcagatgt cactctgagt gtgggtgttg gtgacatgca ttgcacgggc 1000
ctgtctccct gtttgtgtaa acatactaga gtatactgcg gcgtgttttc tgtctaccca 1060
tgtcatggtg ggggagattt atctccgtac atgtgggtgt cgccatgtgt gccctgtcac 1120
tatctgtggc tgggtgaacg gctgtgtcat tatgagtgtg ccgagttatg ccaccctgtg 1180
tgctcagggc acatgcacac agacatttat ctctgcactc acattttgtg acttatgaag 1240
ataaataaag tcaagggaaa acag 1264

```

【0087】

【図面の簡単な説明】

【図1】 クローンHP03165がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図2】 クローンHP03266がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図3】 クローンHP03287がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図4】 クローンHP10665がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図5】 クローンHP10669がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図6】 クローンHP10670がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図7】 クローンHP10671がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図8】 クローンHP10673がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフ

ィールを示す図である。

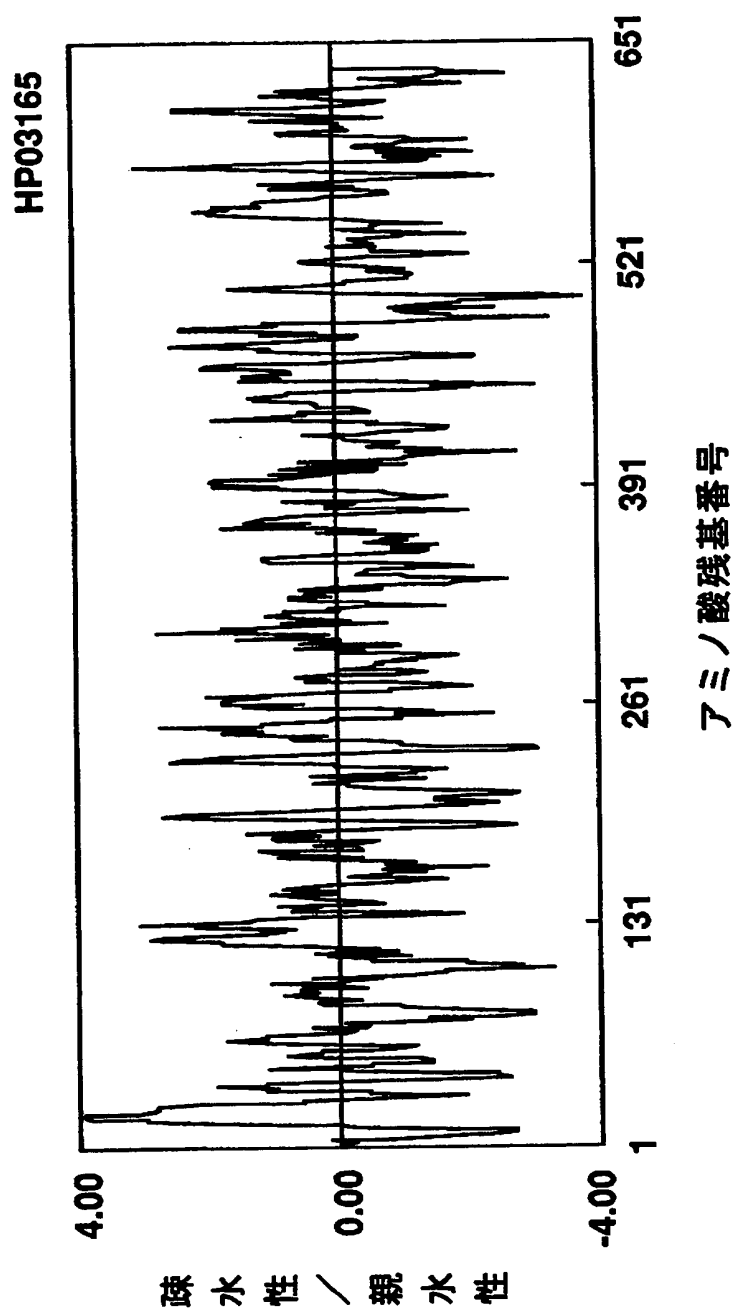
【図 9】 クローン HP 10675 がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図 10】 クローン HP 10683 がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

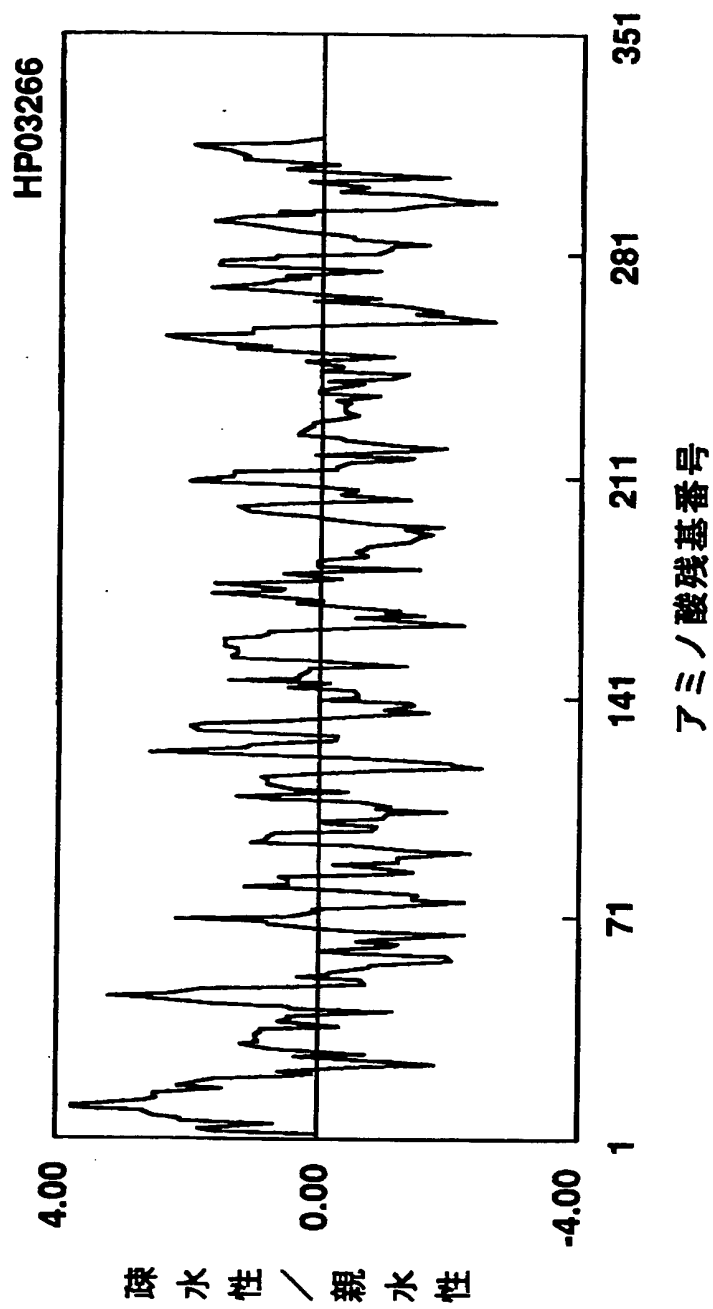
【書類名】

図面

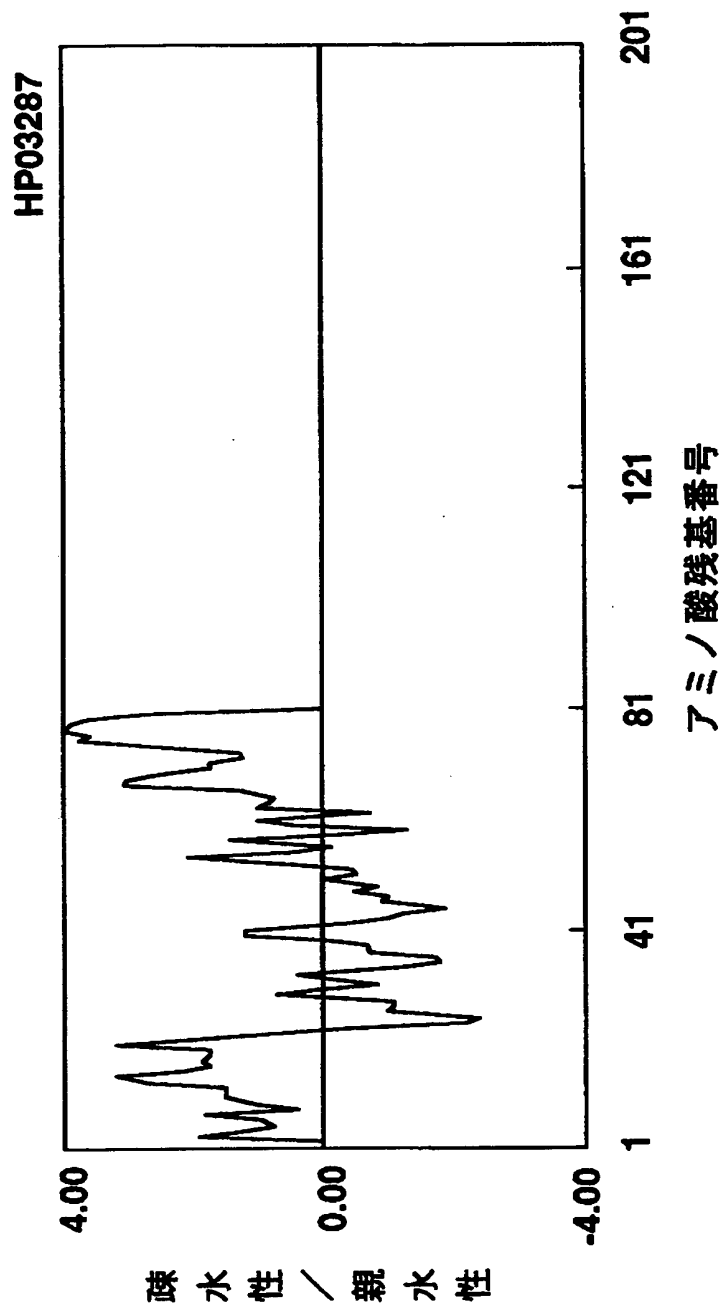
【図 1】



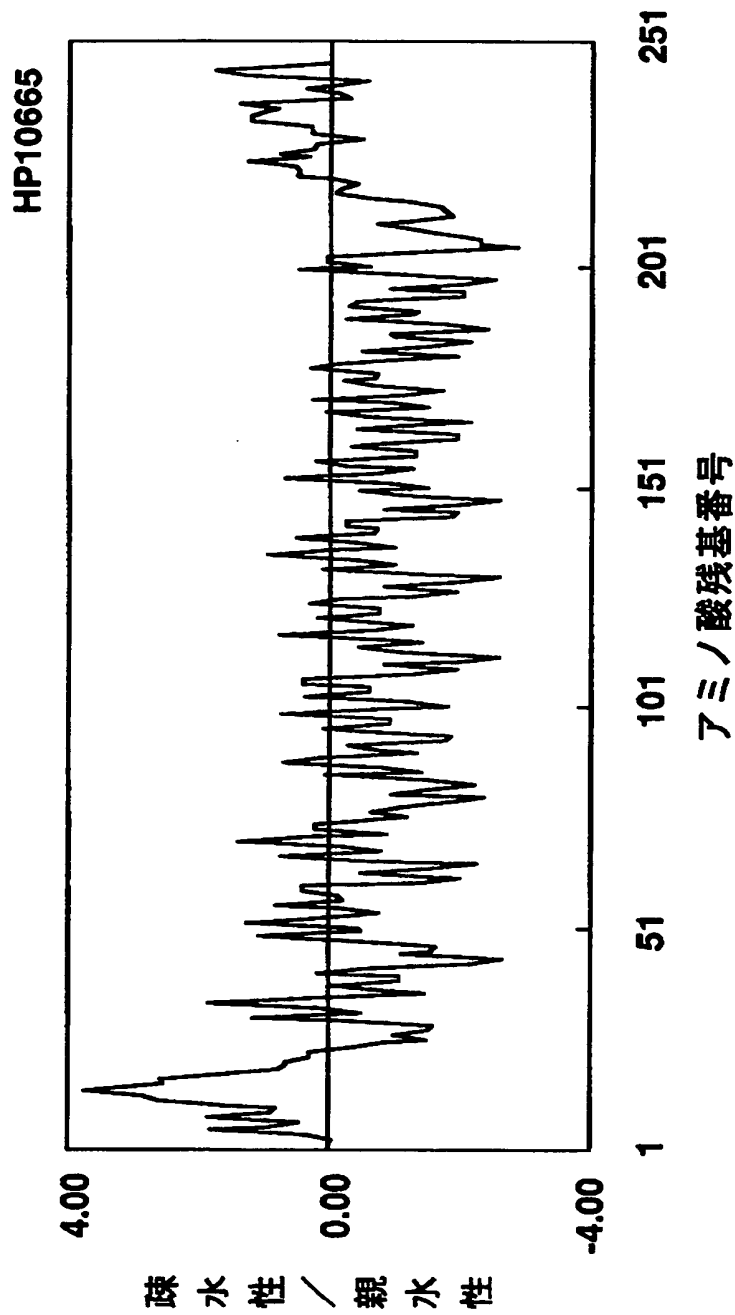
【図 2】



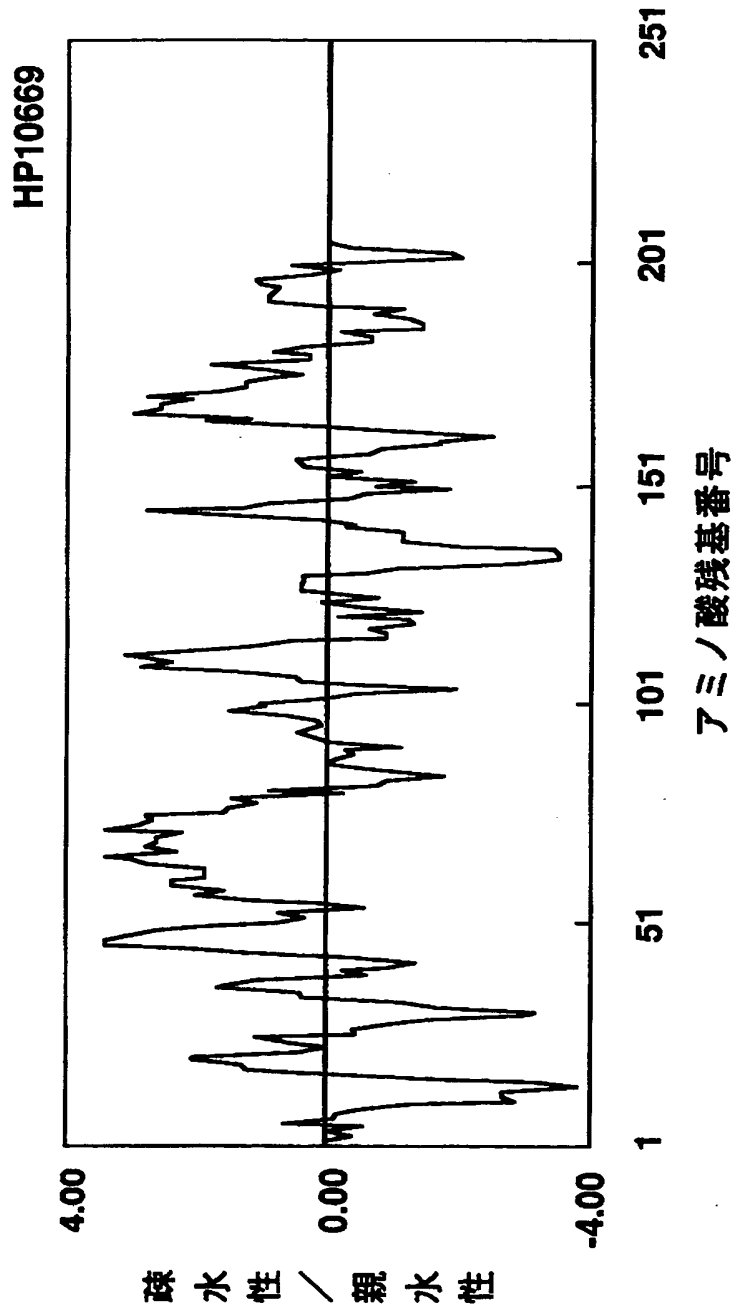
【図 3】



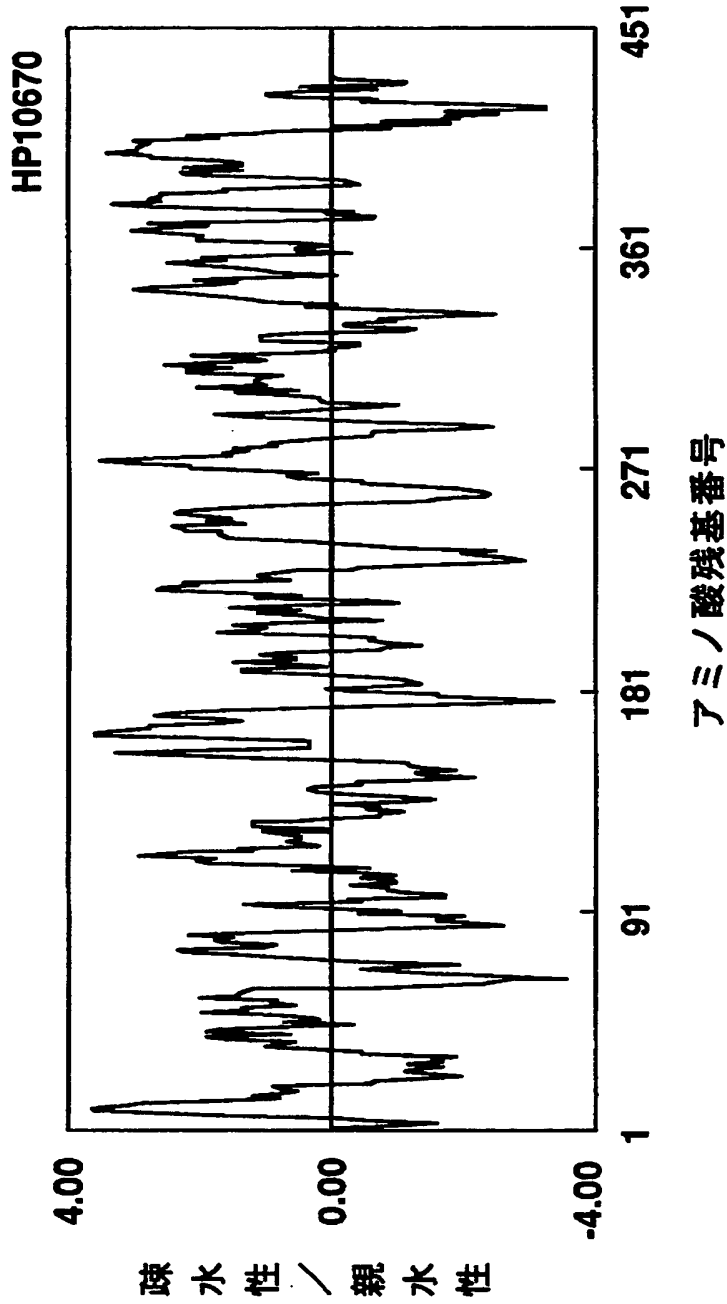
【図4】



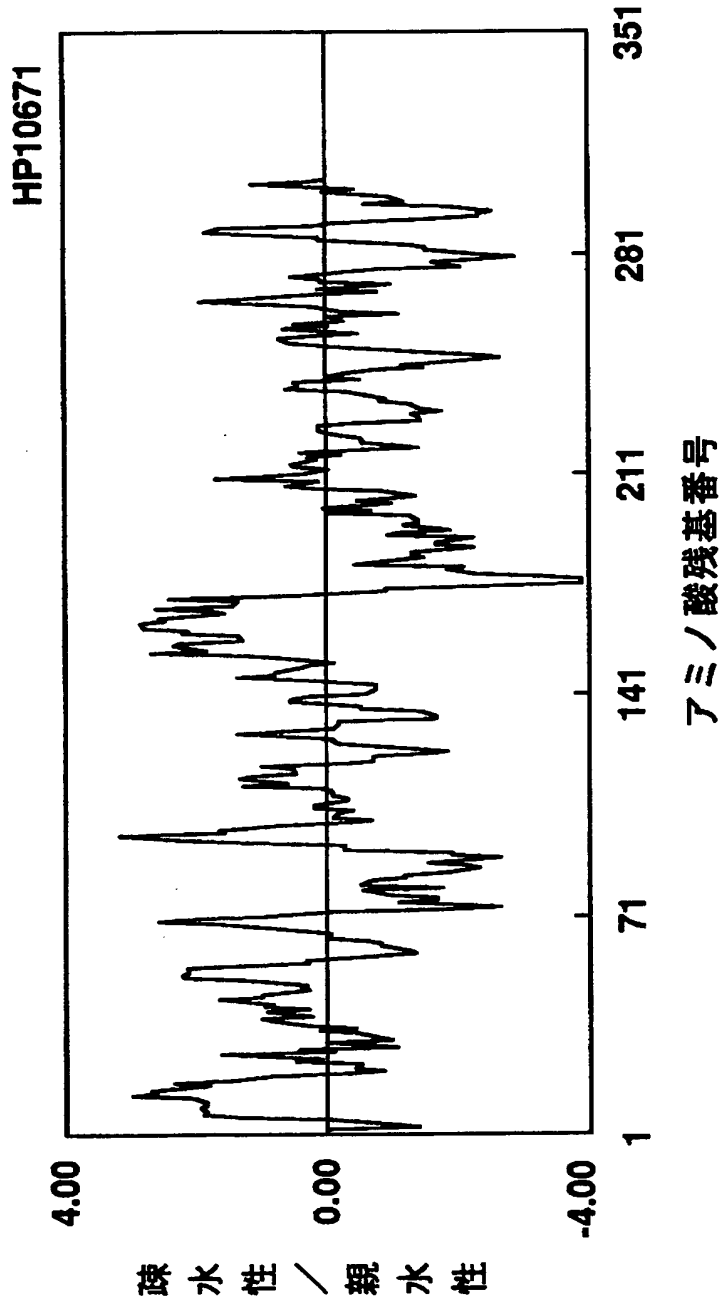
【図5】



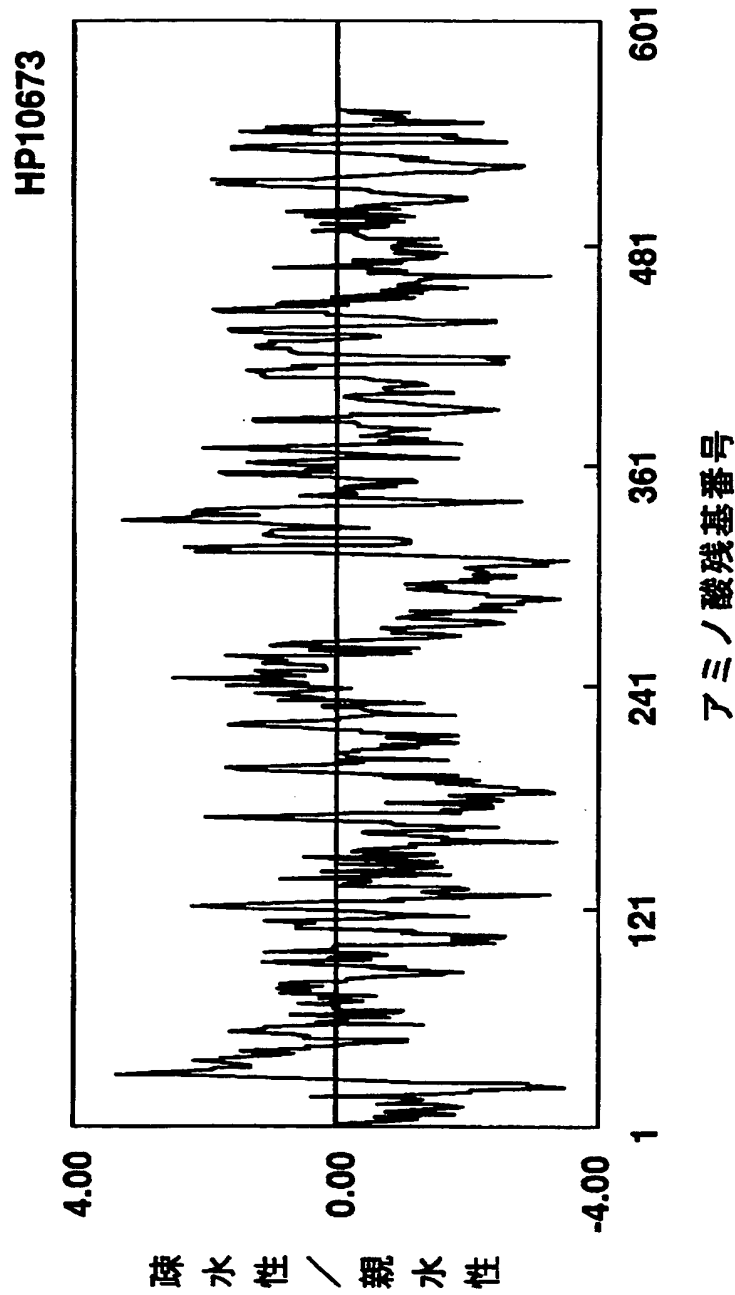
【図6】



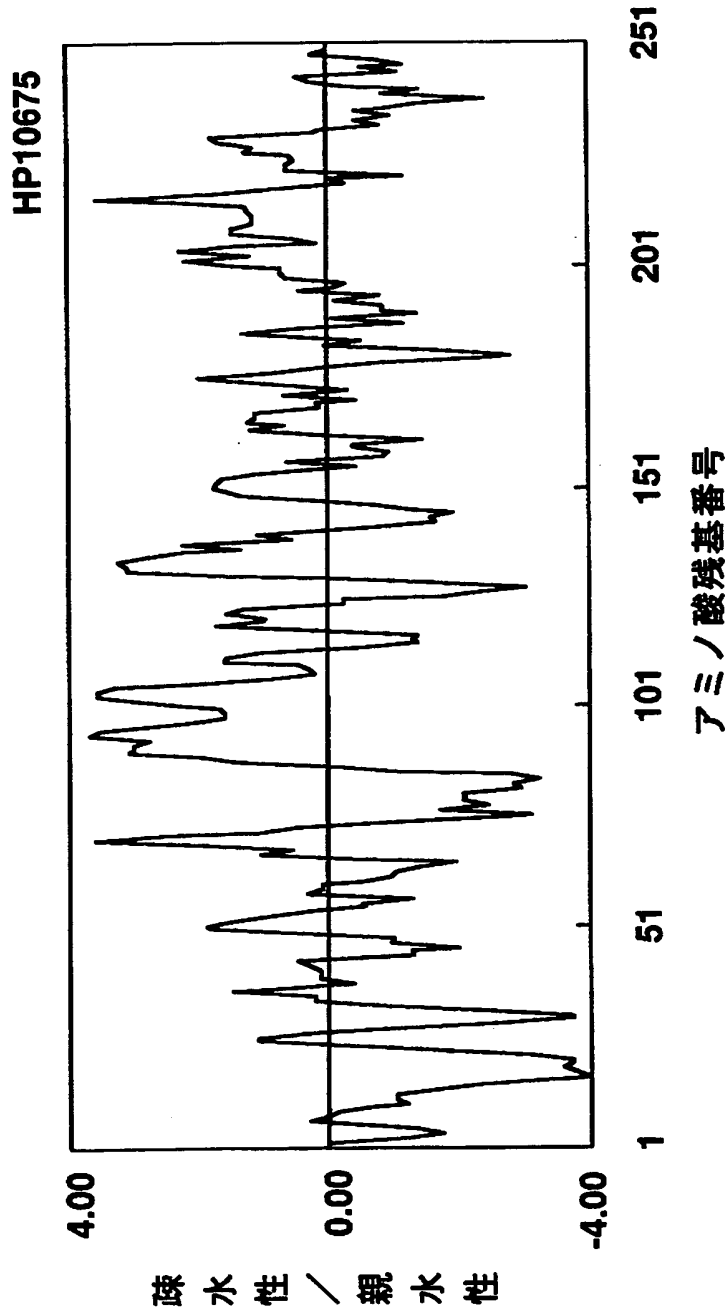
【図 7】



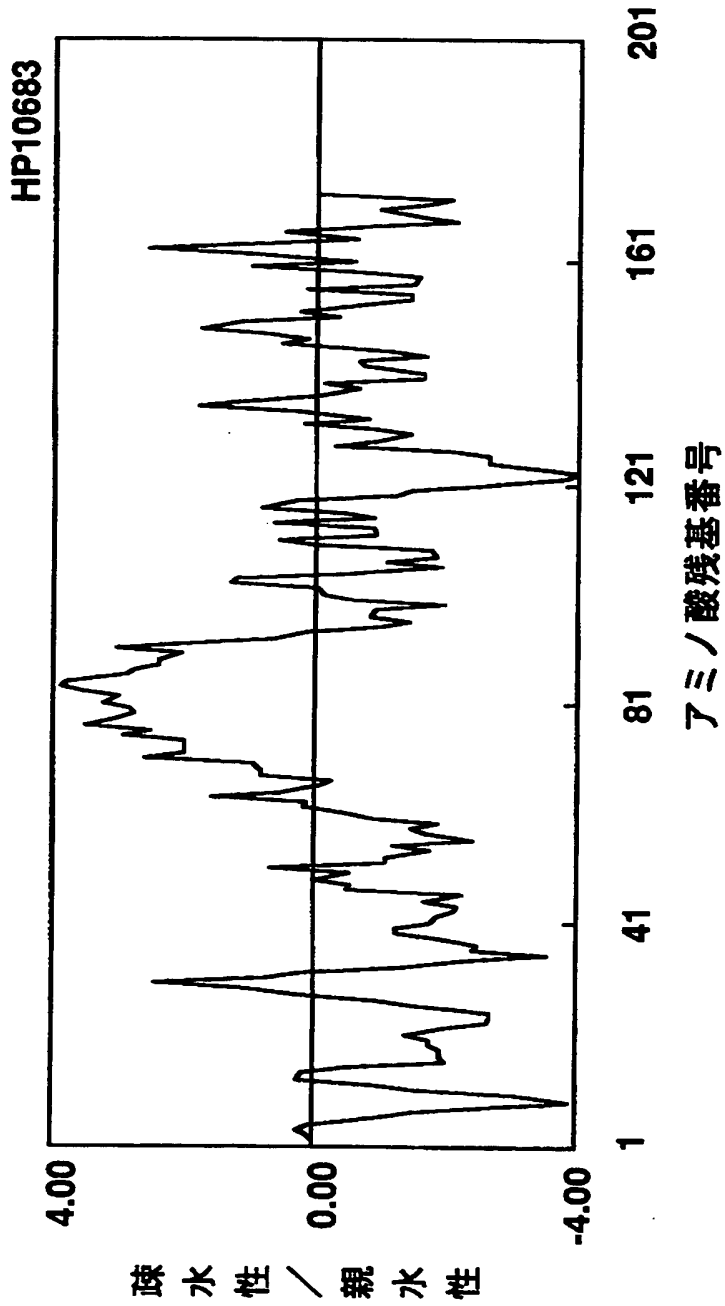
【図 8】



【図 9】



【図10】



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしている cDNA、この cDNA の発現ベクター、およびこの cDNA を発現させた真核細胞を提供する。

【解決手段】 配列番号 1 から配列番号 10 で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質、この蛋白質をコードする DNA、例えば配列番号 11 から配列番号 20 で表される塩基配列を含む cDNA、この cDNA の発現ベクター、およびこの cDNA を発現させた真核細胞。疎水性ドメインを有するヒト蛋白質をコードしている cDNA の組換え体を発現させることにより、この蛋白質並びにこの蛋白質を発現する真核細胞を提供することができる。

【選択図】 なし

認定・付加情報

特許出願の番号	平成11年 特許願 第138169号
受付番号	59900469891
書類名	特許願
担当官	鈴木 ふさゑ 1608
作成日	平成11年 6月28日

<認定情報・付加情報>

【特許出願人】	申請人
【識別番号】	000173762
【住所又は居所】	神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号
【氏名又は名称】	財団法人相模中央化学研究所
【特許出願人】	
【識別番号】	596134998
【住所又は居所】	東京都目黒区中町2丁目20番3号
【氏名又は名称】	株式会社プロテジーン

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号 [000173762]

1. 変更年月日 1995年 4月14日
[変更理由] 住所変更
住 所 神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号
氏 名 財団法人相模中央化学研究所

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号

[596134998]

1. 変更年月日 1996年 9月13日

[変更理由] 新規登録

住 所 東京都目黒区中町2丁目20番3号

氏 名 株式会社プロテジーン